# RASA A RASOVÉ ROZDÍLY

ARTHUR KEMP

# Arthur Kemp – Rasa a rasové rozdíly

*PŘELOŽENO Z PŮVODNÍ PUBLIKACE OD OSTARA PUBLICATIONS Z ROKU 2022, DOSTUPNÉ Z: https://annas-archive.gl/md5/808eb7edafb99995bf106a0e7ff19f68*

*Překlady podstupují průběžnou revizí, není tedy zaručena absolutní správnost překladu - i v rovině pravopisné a formátové.*

# Obsah

Úvod do otázky rasy 4

Struktura lidské DNA 34

Rasa definovaná skupinami haplotypů Y a mtDNA 56

Rasa definovaná autosomální DNA 81

Rasa a rasové rozdíly dané na úrovni genů a SNP 97

Geny, které určují rasové rozdíly v barvě kůže, očí a vlasů; struktuře a tvaru vlasů 102

Geny, které určují rasové rozdíly ve struktuře lebky a rysů obličeje 121

Geny, které určují rasové rozdíly ve stavbě kostry 134

Geny, které určují rasové rozdíly v inteligenci 145

Geny, které určují rasové rozdíly v psychologii 166

Sedm hlavních ras 182

Sedm hlavních ras – typologický přehled 189

Pět běžných mýtů o rase vyvrácených 218

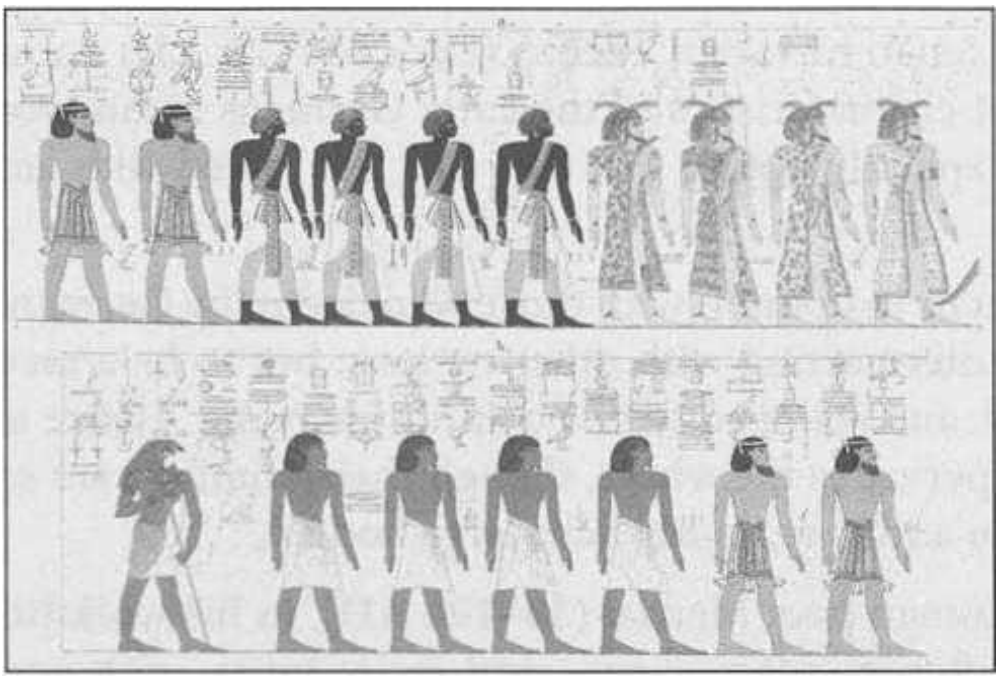
Doslov 233

# Úvod do otázky rasy

Rozdělování lidí do skupin na základě jejich fyzického vzhledu je staré jako lidstvo samo. Již od nejranějších společností byli lidé schopni rozpoznat „cizince“ pouhým pohledem na jejich vzhled. Z tohoto důvodu to vždy bylo běžným způsobem, jak rozlišovat mezi národy, a skutečně ještě před zhruba stoletím by byl kdokoli, kdo by tvrdil, že rasa neexistuje, doslova považován za blázna.

## Popisy ras ve starověkém Egyptě

První písemné zmínky o rase jako o fyzickém rozdělení lidstva pocházejí ze starověkého Egypta. Zachovalo se zde velké množství vyobrazení a stél – včetně nařízení regulujících průchod černých Núbijců po Nilu.



*Ilustrace rasových typů se nachází v hrobce faraóna Sethiho I., v místnosti D, v Thébách v Egyptě (kolem roku 1290 př. n. l.).*

Jedno z nejotevřenějších vyobrazení ras však lze nalézt na stavbách z 19. dynastie (1292 př. n. l. až 1189 př. n. l.) v Thébách, které poskytují názorné příklady toho, jak Egypťané rozlišovali rasy.

## Popisy ras v antickém Řecku a Římě

Také autoři klasického Řecka se často zmiňovali o rasových rozdílech. Lékař Adamantius (kolem roku 415 n. l.) ve svém díle Physiognomica, iii. 32 napsal, že Řekové se pyšnili tím, že mají „nejkrásnější oči ze všech národů".

Řecký filozof Xenofanes (kolem 570–478 př. n. l.) napsal, že „Etiopané si představují své bohy jako černé a s plochým nosem; Thrákové říkají, že jejich bohové mají modré oči a rudé vlasy" (Fragmenty, Bl6. „Klement Alexandrijský").

Jeden z nejslavnějších filozofů klasického Řecka, Aristoteles (384–322 př. n. l.), ve svém díle O vzniku zvířat poznamenal, že „Dále jsou děti podobné svým vzdálenějším předkům, od nichž nic nepochází, neboť podobnosti se opakují v intervalu mnoha generací, jako v případě ženy v Elis, která měla pohlavní styk s Etiopanem; její dcera nebyla Etiopankou, ale syn té dcery ano" (O vzniku zvířat, 1.18.722A).

Římský historik Tacitus (cca 65–120 n. l.) poukázal ve svém díle Germania na rasové charakteristiky raných Germánů a výslovně poznamenal, že se nemísili s žádnými jinými rasami: „Souhlasím s názorem těch, kteří se domnívají, že Germáni se nikdy neprovdávali s jinými národy, ale že jsou rasou čistou, nemíšenou a poznamenanou výrazným charakterem. Proto je celá skupina, ačkoli je tak početná, prostoupena rodinnou podobou: přísné modré oči, rudé vlasy, mohutná postava ..."

Římský básník Martial (38–104 n. l.) ve svém díle s názvem Epigramata často zmiňoval rasu a rasové typy; jedna z jeho nejvýstižnějších poznámek se nachází v knize VI, 39, kde vypráví o římské ženě, která měla děti s mnoha muži různého původu: „Jedno z nich, s kudrnatými vlasy jako Maur, vypadá, že je synem kuchaře Santry. Druhý, s plochým nosem a tlustými rty, je obrazem Pannika, zápasníka ... z těch dvou dcer je jedna černá ... a patří Krotovi, flétnistovi."

## Zaměňování pojmů „rasa" a „národnost"

V období od zániku Římské říše až po průmyslovou revoluci se mnoho slavných spisovatelů nadále zabývalo skutečností, že Zemi obývají různé rasy, avšak postupem času se slovo „rasa" začalo používat k popisu skupin, které ve skutečnosti představovaly etnické či jazykové celky, nikoli skupiny fyzicky podobných lidí.

Mnozí tak hovořili o „britské rase" nebo „francouzské rase" – jako by obyvatelům těchto zemí byl vlastní jednotný vzhled a postoje.

Tento omyl přetrvával po staletí a teprve s příchodem prvních vědeckých přístupů k biologii došlo k odklonu od tohoto neinformovaného předpokladu.

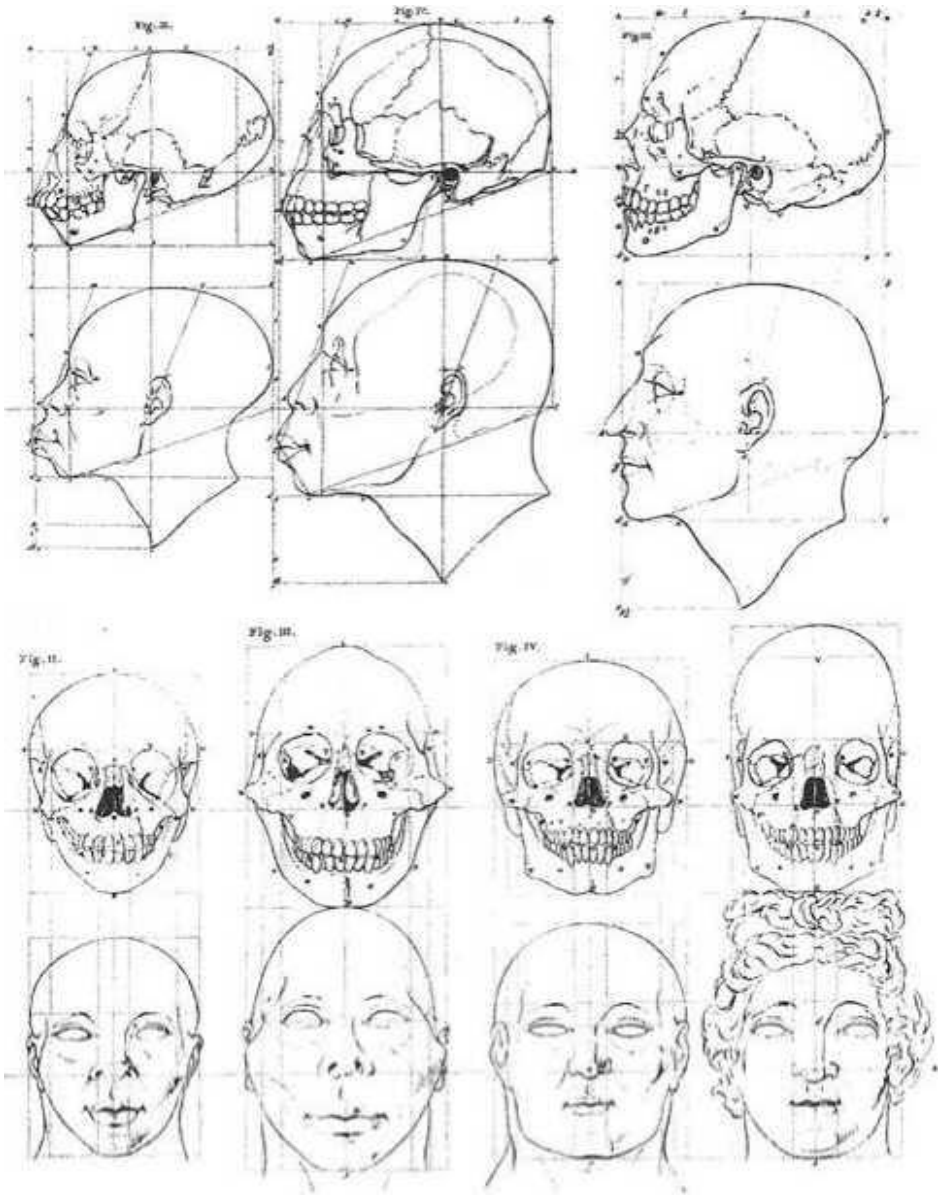
## Klasifikace ras podle fyzického vzhledu se datuje od 17. století

První vědecky podloženou rasovou klasifikaci vytvořil francouzský lékař François Bernier (1625–1688).

Vycházel z omezených geografických znalostí své doby a jako základ klasifikace použil „čtyři světové části", přičemž rozdělil lidstvo na „Evropany", „obyvatele Dálného východu",

„Negry“ a „Laponce“ (Nouvelle division de la terre par les différentes espèces ou races qui l’habitent, „Nové rozdělení Země podle různých druhů nebo ras, které ji obývají“, 1684).

Dalším průkopníkem ve studiu rasových rozdílů byl nizozemský chirurg a anatom Petrus Camper (1722–1789). Ten poskytl první vědeckou analýzu rasových rozdílů v kostře, a zejména toho, co nazýval „obličejovou linií“ – jasným a výrazným fyzickým rozdílem mezi rasami.



*„Obličejové linie“ Petra Camperse znamenaly zlom ve vědecké analýze rasových rozdílů.*

Dalším byl slavný švédský botanik Carolus Linnaeus (1707–1778). Byl prvním vědcem, který formálně klasifikoval všechny živočišné druhy, a tento proces zahájil v roce 1735.

Jeho klasifikační systém – využívající latinská jména – dodnes tvoří základ moderních biologických systémů

pojmenování. Do svých kategorií zahrnul i člověka a zavedl termín, který se používá dodnes: homo sapiens.

Linnaeus měl čtyři hlavní lidské klasifikace: Homo americanus, Homo africanus, Homo europaeus a Homo asiaticus.

Dalším vědcem, který se pokusil o kategorizaci ras, byl německý lékař Johann Friedrich Blumenbach (1752–1840). Vytvořil komplexní přehled fyzických rozdílů, založený zpočátku na studiu tvarů lebek.

Jeho dílo Decas collectionis suae craniorum diversarum gentium illustrate („Ilustrovaná sbírka desítek lebek různých ras“) bylo poprvé vydáno v roce 1790. Rozdělilo lidský druh do pěti ras, které nazval „kavkazskou“ (pro „bílou rasu“), „mongolskou“ (neboli „žlutou rasu“), „malajskou“ (neboli „hnědou rasu“, čímž myslel obyvatele jihovýchodní Asie a tichomořských ostrovů), „etiopskou“ (neboli „černou rasu“, která zahrnovala Afričany ze subsaharské Afriky) a „americkou“ (neboli „rudou rasu“, čímž myslel všechny Amerindy).

*Výběr lebek z Blumenbachova díla.*

Právě od Blumenbacha pochází termín „kavkazský“. Tento název zvolil pro označení své kategorie „bílé rasy“, protože se

domníval, že lebka pocházející z Kavkazu je anatomicky nejdokonalejší ve své sbírce. Slovo „kavkazský“ začalo znamenat „bílý“ nebo „evropský“, zejména v dnešních Spojených státech.

Několik dalších vědců poté následovalo jeho příkladu a začalo rozdělovat skupiny lidí podle fyzického vzhledu. Někdy také přiřazovali rasám psychologické vlastnosti, i když se jednalo spíše o názory těch, kteří s danými „rasami“ přišli do styku, než o výsledky seriózní analýzy.

Teprve s vydáním díla Essai sur l’inégalité des races humaines („Esej o nerovnosti ras“) francouzským šlechticem Josephem Arthurem, hrabětem de Gobineau (1816–1882), byl poprvé empiricky zvažován koncept psychologických rozdílů – tedy v temperamentu a inteligenci – mezi rasami. Tato práce byla publikována v pěti samostatných částech v letech 1853 až 1855.

Gobineauovy rasové kategorie – „černá, žlutá a bílá“ (Essai sur l’inégalité des races humaines, svazek 1, kapitola 16) – byly dále rozděleny na podkategorie. Tyto široké kategorie však odrážely geografické poznatky jeho doby a nebyly vyčerpávající. Gobineauovým nejtrvalejším přínosem pro rasovou vědu bylo vyzdvižení nordického evropského podtypu jako vůdčí síly všech civilizací. Byl prvním, kdo popularizoval termín „árijský“ jako označení pro tuto skupinu.

Jeho krajan, antropolog hrabě Georges Vacher de Lapouge (1854–1936), nadšeně podporoval Gobineauův nordicismus. Jeho kniha z roku 1889 L'Aryen: son rôle social („Árijec; jeho sociální role“) nastínila to, co podle něj byla nadřazenost

dolichocefalických (tj. „dlouholebých“) árijských ras nad brachycefalickými („kulatolebými“) rasami.

## Francis Galton rozvíjí vědu eugeniky

Angličan Francis Galton (1822–1911) byl všestranný učenec: statistik, sociolog, psycholog, antropolog, průzkumník, geograf a vynálezce – a také vzdálený příbuzný Charlese Darwina.

Galton, který byl silně ovlivněn knihou svého slavného příbuzného o evoluci, poskytl první konkrétní příklady rozhodujícího vlivu dědičnosti na určování schopností a inteligence – a to nejen fyzických vlastností. Jeho kniha z roku 1869, Hereditary Genius, zůstává klasickou studií v této oblasti. Vymyslel také frázi „příroda nad výchovou“.

Galton také založil vědu eugeniku, dnes často zneužívaný termín, který jednoduše znamená selektivní chov zvířat za účelem vylepšení jejich nejlepších vlastností.

Eugenika je v chovatelství běžnou praxí dodnes. Galton a další chtěli, aby se tato věda uplatňovala i u lidí v zájmu jejich zlepšení.

## První přesné vědecké práce o rasové typologii se objevují v 19. století

V této době vytvořilo několik předních akademiků z různých zemí rozsáhlá díla o rasové typologii a klasifikaci. Nejvýznamnější z těchto prací jsou:

- Volkerkunde (1874), přeloženo do angličtiny pod názvem The Races of Man and Their Geographical Distribution (1876), od německého antropologa Oscara Peschela (1826–1875);

- The Human Species (1879) od francouzského biologa Jeana Armanda de Quatrefages (1810–1892);
- The Races of Man: An Outline of Anthropology and Ethnography (1900) od francouzského antropologa Josepha Denikera (1852–1918);
- The World's Peoples: A Popular Account of Their Bodily and Mental Characters, Beliefs, Traditions, Political and Social Institutions (1908) od irského antropologa A. H. Keana (1833–1912); a
- The Races of Man and Their Distribution (1909) od britského antropologa Alfreda Corta Haddona (1855–1940).

Americký absolvent MIT a profesor Harvardské univerzity William Zebina Ripley (1867–1941) se proslavil svou rozsáhlou studií o rasové antropologii s názvem The Races of Europe: A Sociological Study (1899). Tato práce, která vycházela z řady přednášek, které přednesl v předchozích letech, se ukázala být jednou z prvních významných a autoritativních studií o rasových rozdílech.

Jeho krajan, Madison Grant (1865–1937), absolvent Yaleovy a Kolumbijské univerzity, se proslavil svými snahami o ochranu životního prostředí (připisuje se mu záchrana mnoha druhů zvířat, včetně bizonů; založení Bronxské zoo, organizace Save the Redwoods League a Národního parku Denali na Aljašce; a vytvoření disciplíny managementu volně žijících živočichů).

Grant je však nejvíce připomínán právě pro své rasové studie. Jeho kniha z roku 1916, The Passing of the Great Race,

se otevřeně zabývala rasovými rozdíly a blížícím se vymřením bílých Američanů, kteří tuto zemi založili.

Jeho současník a krajan Theodore Lothrop Stoddard (1883–1950), absolvent doktorského studia na Harvardu, vytvořil mnoho prací zabývajících se rasou, z nichž nejznámější nesla název The Rising Tide of Color Against White World-Supremacy (1920). Spolu s Grantem měla Stoddardova díla významný vliv na americkou vládu, která v roce 1924 přijala imigrační zákon, který upřednostňoval nové přistěhovalce ze severozápadní Evropy. Tento zákon byl zrušen až v roce 1965.

V roce 1921 vydali tři němečtí vědci, Dr. Erwin Baur (1875–1933), Dr. Eugene Fischer (1874–1967) a Dr. Fritz Lenz (1887–1976), společnou významnou práci o biologických základech lidské dědičnosti s názvem Menschliche Erblichkeitslehre (v angličtině vydáno pod názvem Human Heredity v roce 1931). Tato rozsáhlá práce také definovala šest hlavních ras s jejich podskupinami a obsahovala podrobné vysvětlení toho, jak se lidské vlastnosti dědí.

Německý profesor Hans Friedrich Karl Günther (1891–1968) vydal své první dílo, Rassenkunde des deutschen Volkes („Rasová věda německého národa“), v roce 1923. Následně sepsal přehledy i o dalších rasách, přičemž jeho klasické dílo z roku 1929, Rassenkunde Europas, bylo přeloženo do angličtiny pod názvem The Racial Elements of European History.

V této práci definoval rasu následovně: „Rasa je představována skupinou lidí, která se od každé jiné skupiny lidí odlišuje vlastní kombinací fyzických charakteristik a duševních vlastností a která vždy plodí pouze svůj vlastní druh.“

V Americe byl Carleton Stevens Coon (1904–1981), přednášející na Harvardově univerzitě a předseda Americké asociace fyzických antropologů, pověřen vypracováním aktualizace Ripleyho klasického díla. Coonovo vydání knihy The Races of Europe z roku 1939 obsahovalo nejen aktualizace rasových klasifikací, ale také část, která poprvé definovala Židy jako samostatnou rasu.

Coonova práce z roku 1962 s názvem The Origin of Races zastávala názor, že rasy mají odlišný genetický původ (tzv. „multiregionální evoluce“) a nevycházejí z jediného zdroje, jak tvrdili jiní.

Na počátku 30. let 20. století se myšlenky rasy a eugeniky staly v akademickém světě běžnou záležitostí. Vznikla mezinárodní eugenická společnost, která pořádala konference v New Yorku a přitahovala delegáty z celého světa.

**Rasový denialismus se objevuje po roce 1945**

Zavedení politiky založené na rasových hlediscích nacistickým Německem v roce 1933 rovněž výrazně podpořilo studium rasy po celém světě. Tento trend však netrval dlouho, neboť porážka nacistického Německa v roce 1945 a následná neúprosná propaganda namířená proti tomuto státu vedly k téměř úplnému úpadku studia rasy a rasových rozdílů.

To zase otevřelo cestu „popírání rasy“, ideologii založené židovským antropologem Franzem Boasem (1858–1942), aby se dostala do centra pozornosti akademického světa. Toto přesvědčení o popírání rasy zpočátku tvrdilo, že rasové rozdíly nejsou vrozené (tj. dědičné) . Dnes se toto přesvědčení posunulo dál a nyní popírá, že rasa vůbec existuje, s výjimkou „sociálního konstruktu“.

Přesto několik autorů pokračovalo v publikování studií o rase a rasových rozdílech. Jedním z nejvýznamnějších z nich byl snad Carleton Putnam (1901–1998), absolvent Princetonské a Kolumbijské univerzity.

Jako bystrý podnikatel založil leteckou společnost, která se nakonec stala známou jako Delta Air Lines. Působil jako generální ředitel této společnosti a až do své smrti zasedal v její správní radě.

Bylo to však právě nastupující období „boje za občanská práva“ v Americe, které Putnama podnítilo k napsání knihy Race and Reason: A Yankee View (1961), která se stala povinnou četbou pro studenty středních škol v Louisianě. Na ni navázal svou druhou knihou Race and Reality: A Search for Solutions (1967).

**Věda o testování IQ se dostává do hlavního proudu**

Audrey Mary Shuey (1900–1977) byla vedoucí katedry psychologie na Randolph-Macon Women’s College. V roce 1958 vydala první vydání svého vrcholného díla The Testing of Negro Intelligence. Tato práce, která shrnula výsledky 40 let testování inteligence v Americe – včetně oficiálních zdrojů americké armády – odhalila, že mezi černochy a bělochy existuje rozdíl v inteligenčním kvocientu (IQ) nejméně 15 bodů, a to i po zohlednění všech environmentálních faktorů.

Ve Velké Británii vydal emeritní docent Oxfordské univerzity profesor John Baker (1900–1984) v roce 1974 své největší dílo s názvem Race. Tato kniha, poslední skutečně vyčerpávající práce o rasové typologii, jakou kdy vydala „mainstreamová“ nakladatelství, obsahovala přehled všech ras na Zemi a končila rozborem rasy a úspěchů, který dospěl k

závěru, že v subsaharské Africe nikdy nevznikla žádná skutečně domorodá civilizace.

Politický tlak ze strany lobby popírající rasu se mezitím začal zesilovat a Oxford University Press, která Bakerovu knihu vydala, byla nucena ji stáhnout z oběhu. Poté byla znovu vydána v Americe skupinou aktivistů za svobodu slova, kteří si říkali Foundation for Human Understanding (FHU). Od té doby se opět přestala tisknout.[1]

Rasová typologie byla poté jako vědecká disciplína zcela potlačena „mainstreamovým" vydavatelským světem, který popíral existenci ras, a démonizována v hromadných sdělovacích prostředcích.

O rase a IQ se stále diskutovalo, hlavně proto, že důkazy byly tak přesvědčivé, že ani popírači ras nemohli předstírat, že neexistují. Místo popírání jejich existence se lobby popírající existenci ras snažila vysvětlit přetrvávající rozdíly v IQ mezi rasami jako výsledek výhradně vlivu prostředí.

Vřavá debata vyvrcholila dramatickým způsobem v roce 1994 vydáním knihy The Bell Curve: Intelligence and Class Structure in American Life, kterou napsali psycholog Richard J. Herrnstein a politolog Charles Murray.

V této knize Herrnstein (jehož židovský původ sloužil k odvrácení již standardního obvinění z „nacismu", používaného proti jakémukoli dílu zabývajícímu se rasou) a Murray ukázali, že lidská inteligence je primárně dědičná. Práce také ukázala, že úroveň IQ je mimořádně přesným prediktorem chování, včetně finančního statusu, sociální odpovědnosti, narození

[1] Bakerova kniha byla mezitím znovu vydána nakladatelstvím Ostara Publications, které práva odkoupilo od FHU.

mimo manželství a kriminality, a to vedle řady dalších faktorů. Kniha byla komerčním úspěchem navzdory stále pokračujícím snahám popíračů rasových rozdílů o její diskreditaci a „bell curve“ (zvonová křivka) se dostala do běžného jazyka jako výraz pro IQ.

Další práce na téma IQ a rasy však byly následně formálně vytlačeny z „mainstreamových“ nakladatelství. Ostatní knihy o rasové typologii, rase a IQ se od té doby vydávají pouze v soukromém nákladu a jsou cenzurovány z dominantních komerčních knižních platforem.

Jedinou nedávnou výjimkou z tohoto pravidla byla kniha britského rodáka Nicholase Wadea, bývalého redaktora pro vědu a zdraví v deníku The New York Times. Jeho dílo s názvem A Troublesome Inheritance: Genes, Race and Human History (2014) se odvážilo poukázat na to, že genetika má významné důsledky pro společenské vědy. Tato relativně mírně formulovaná kniha vyvolala hysterickou reakci ze strany lobby popírající rasu a zahrnovala veřejné odmítnutí publikované v New York Times Book Review. Jak už bylo zvykem, kritika se nezabývala žádnými fakty citovanými v knize – mnohé z nich pocházely od stejných lidí, kteří později dílo odsoudili –, ale místo toho se soustředila na ad hominem útoky na autora osobně.

Frakce popírající existenci ras se zdála být neporazitelná: dobyla akademický svět. Vyloučila všechny sociology, kteří nesouhlasili s Boasovým světonázorem, že rasa neexistuje, a téměř se jí podařilo zatlačit veškerý další výzkum týkající se ras do podzemí.

Vzestup popírání ras jako dominantní teorie na sklonku 20. a počátku 21. století byl údajně podpořen oficiálními prohlášeními předních akademických institucí – včetně Americké antropologické asociace –, že rasa je „sociální konstrukt“ a neexistuje jako biologická realita.

## Vznik genetické vědy podkopává teorii popírání ras

Vznik genetické vědy se však ukázal jako nepříjemný trn v patě popíračům ras.

Historie studia genetiky začala v roce 1866, kdy německý mnich jménem Gregor Mendel (1822–1884) prováděl experimenty s hrachovými rostlinami, o které se staral. Pečlivým pozorováním vypracoval základní pravidla dědičnosti. Tento objev, který v té době zůstal z velké části bez povšimnutí, se dnes označuje jako Mendelovy zákony dědičnosti.

V roce 1869 studoval švýcarský chemik a biolog Friedrich Miescher (1844–1895) ve své laboratoři bílé krvinky, když v jádrech krvinek identifikoval chemické látky bohaté na fosfát. Tyto chemické látky nazval „nukleiny“. Dnes jsou známé jako deoxyribonukleová kyselina, neboli DNA.

Miescher si byl vědom významu svého objevu a v té době napsal, že tyto chemické sloučeniny souvisejí s procesem dědičnosti.

V roce 1900 byla Mendelova práce znovuobjevena a nezávisle na sobě znovu vydána několika vědci v Rakousku, Německu a Nizozemsku. Do roku 1902 dokázal anglický lékař Archibald Garrod (1857–1936) prostřednictvím svého objevu dědičnosti nemocí, jak lze Mendelovy zákony dědičnosti aplikovat na člověka.

Garrodova kniha The Incidence of Alkaptonuria: A Study in Chemical Individuality (1902) byla prvním dílem, které ukázalo, že alkaptonurie je dědičné recesivní onemocnění, jehož průběh lze u lidí předpovědět studiem jejich dědičných linií. Dopad tohoto objevu – dnes považovaného za samozřejmost – byl v té době senzační, protože otevřel dveře k pochopení zákonů dědičnosti u lidí.

V následujících letech vědci obrátili svou pozornost – a své stále výkonnější mikroskopy a analytické přístroje – ke studiu lidských buněk a jejich dědičných vlastností.

## DNA byla poprvé izolována v roce 1944

Nakonec v roce 1944 izoloval kanadsko-americký imunochemik z nemocnice Rockefellerova institutu pro lékařský výzkum, Oswald Avery (1877–1955), DNA jako látku, z níž jsou tvořeny geny a chromozomy.

K tomuto průlomovému objevu dospěl při studiu bakterie způsobující zápal plic, tzv. pneumokoka. Jeden z jeho experimentů odhalil, že pokud se živá forma pneumokoka smíchá s inertní, ale smrtící formou této bakterie, stane se dříve neškodná forma brzy smrtící.

Zmatený tímto „transformačním procesem“ se Avery rozhodl zjistit jeho příčinu. Ve spolupráci se dvěma kolegy, Colinem MacLeodem a Maclynem McCartym, nakonec zjistil, že „transformační látkou“ je nukleová kyselina neboli DNA. Tito tři vědci zveřejnili své poznatky v časopise Journal of Experimental Medicine v roce 1944.

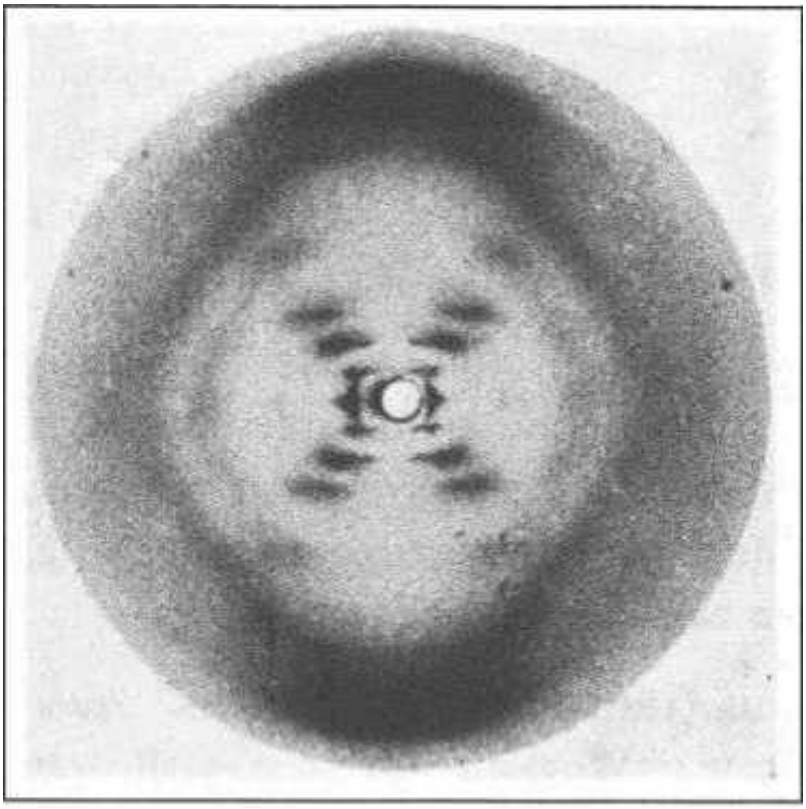
Když si profesor biochemie na lékařské fakultě Kolumbijské univerzity Erwin Chargaff (1905–2002) – rakouský Žid, který emigroval do Ameriky před druhou

světovou válkou – přečetl Averyho článek, rozhodl se zahájit výzkum chemie nukleových kyselin.

Nakonec, v roce 1950, po mnoha podrobných studiích, Chargaff dokázal odhalit dva významné poznatky: (1) že v jakékoli dvouvláknové DNA je počet chemických jednotek na obou stranách vlákna vždy stejný, a (2) že složení DNA se liší mezi jednotlivými druhy. Tyto objevy jsou dnes známé jako „Chargaffova pravidla“.

## Fotografie a popis molekuly DNA, 1952–1953

Další významný průlom zaznamenal britský vědec Raymond Gosling (1926–2015). Během svého studia na King’s College v Londýně pořídil několik rentgenových krystalografických snímků DNA. Díky ostrosti těchto snímků bylo možné poprvé vizuálně nahlédnout do struktury DNA a jedna z jeho fotografií (známá jako „foto 51“) se stala světově proslulou.



*Slavná fotografie 51 Raymonda Goslinga, zachycující rentgenový difrakční obrazec DNA.*

Goslingova vědecká vedoucí, Rosalind Franklinová (1920–1958), mu pomohla zdokonalit proces rentgenové krystalografie. Nyní s ním také spolupracovala na výpočtu rozměrů řetězců DNA a vyslovila domněnku, že fosfáty se nacházejí na vnější straně struktury, která byla pravděpodobně šroubovicová.

Tyto závěry a fotografie využili tři vědci k prvnímu nastínění struktury dvojité šroubovice molekuly DNA. Tito tři vědci – britský molekulární biolog Francis Crick (1916–2004), americký molekulární biolog James Watson (narozen 1928, v roce 2022 mu bude 94 let) a britský biofyzik Maurice Wilkins

(1916–2004), narozený na Novém Zélandu, všichni obdrželi za tento objev v roce 1962 Nobelovu cenu za fyziologii a medicínu.

Watson později působil jako ředitel Cold Spring Harbor Laboratory (CSHL) a pod jeho vedením se tato laboratoř stala jedním z předních světových výzkumných center v oblasti molekulární biologie.[2]

## Genetický kód objevený v roce 1961

V roce 1961 objevil německý biochemik Johannes Heinrich Matthaei (1929, v roce 2022 mu bude 94 let) během svého působení jako postdoktorand v laboratoři Národních institutů zdraví (NIH) v Bethesdě ve státě Maryland soubor pravidel (známý jako „genetický kód“), který živé buňky používají k překladu informací zakódovaných v genetickém materiálu do proteinů.

Kontroverzní je, že vedoucí laboratoře, kde Matthaei dosáhl tohoto průlomového objevu, americko-židovský biochemik jménem Marshall Nirenberg (1927–2010), a dva další výzkumní spolupracovníci, v Indii narozený Har Gobind Khorana (1922–2011) a v Illinois narozený Robert Holley (1922–1993), za tento objev v roce 1968 získali Nobelovu cenu za fyziologii a medicínu.

---

[2] V letech 1988 až 1992 působil Watson v Národních zdravotnických ústavech (NIH), kde pomáhal založit Projekt lidského genomu, jenž v roce 2003 dokončil mapování lidského genomu. Poté, co zastával funkci prezidenta a rektora CSHL, byl nakonec v roce 2007 donucen odstoupit poté, co veřejně poukázal na to, že mezi inteligencí a rasou existuje genetická souvislost. Když své názory zopakoval v televizním dokumentu v roce 2019, CSHL mu odebralo čestné tituly a přerušilo s ním veškeré styky – což jasně ukazuje, jak mocnou se stala lobby popírající rasovou odlišnost a jak se obávala důsledků genetického výzkumu.

Všichni tři laureáti – Nirenberg, Khorana a Holley – se každý svým dílem významně podíleli na rozluštění genetického kódu, ale důvod, proč Matthaei Nobelovu cenu nedostal, zůstává dodnes nevysvětlený.

## Sekvenování DNA objeveno v roce 1977

V roce 1977 došlo k dalšímu zlomu, když britský biochemik Frederick Sanger (1918–2013) objevil metodu, pomocí níž bylo možné určit pořadí čtyř chemických stavebních kamenů DNA, tzv. „bází“. Tento proces se nazývá „sekvenování DNA“ a postup, kterým se provádí, se nazývá „Sangerova metoda“. Tento průlom, za který Sanger obdržel Nobelovu cenu, umožnil sekvencovat celý lidský genom.

## Analýza pomocí polymerázové řetězové reakce (PCR) – vynalezena v roce 1983

V roce 1983 byla vyvinuta metoda analýzy složení DNA na základě malého vzorku (například výtěru ze sliznice ústní dutiny nebo malého množství slin) namísto náročného odběru krve. Tento proces, nazývaný polymerázová řetězová reakce (PCR), vynalezli americký biochemik Kary Mullis (1944–2019) a britský biochemik Michael Smith (1932–2000). Za tento průlomový objev jim byla v roce 1993 společně udělena Nobelova cena za chemii.

## Projekt lidského genomu: zahájen v roce 1988, dokončen v roce 2003

V roce 1988 byl oficiálně zahájen Projekt lidského genomu. Úkolem tohoto projektu, financovaného americkou vládou, bylo určit všech 3,2 miliardy chemických složek, neboli „písmen“, lidské DNA.

Do roku 1999 byl odhalen celý genetický kód jednoho lidského chromozomu, čísla 22. Obsahoval 33,5 milionu „písmen“. Projekt lidského genomu byl nakonec dokončen v roce 2003.

**Byla vyvinuta analýza jednonukleotidových polymorfismů (SNP)**

V následujícím desetiletí došlo k dalšímu pokroku, kdy se genetici začali zabývat drobnými úseky struktury DNA, tzv. jednonukleotidovými polymorfismy (SNP). Ukázalo se, že jde o významný průlom, neboť se prokázalo, že SNP hrají klíčovou roli při určování původu a náchylnosti k genetickým onemocněním.

**Objevují se komerčně dostupné domácí testovací sady na určení původu pomocí DNA**

Sekvenační procesy se neustále zdokonalují a tato technologie tvoří jádro činnosti dnešních společností nabízejících „sady pro testování DNA“, které se specializují na určení původu a zdravotních predispozic na základě vzorku DNA poskytnutého danou osobou.

Testování původu se s každým rokem stává stále přesnější. V mnoha případech je nyní schopno určit konkrétní kraje nebo regiony původu v rámci jednotlivých zemí.

Společnosti zabývající se testováním DNA rozdělují svět na sedm „hlavních populací“

Například jedna z široce známých společností zabývajících se testováním předků, 23andMe[3], uvádí následujících sedm hlavních „globálních populací“:

„Evropané, Střední a Jižní Asiaté, Amerindové, Východoasijci, Subsaharští Afričané, Západoasijci a Severoafričané [a] Melanésané.“[4]

Jinými slovy, jednoduché „domácí“ DNA testy umožňují na základě vzorku slin zařadit jednotlivce do alespoň jedné ze sedmi hlavních identifikovatelných rasových skupin.

Jako by to pro popírače rasových rozdílů nebylo dostatečným problémem, podrobné testování SNP umožňuje také regionální rozčlenění těchto výsledků. To umožňuje jednotlivcům zjistit konkrétní regiony, odkud pocházeli jejich předkové.

Abychom pokračovali s příkladem společnosti 23andMe, tato společnost nabízí analýzu SNP, která dokáže dále předpovědět konkrétní regiony v rámci těchto sedmi hlavních skupin:

Evropská skupina:

- Severozápadní Evropa: Británie a Irsko, Finsko, Francie a Německo, Skandinávie a severozápadní Evropa obecně.

[3] Důležité: Zmínka o jakékoli komerční společnosti zabývající se testováním DNA v této knize NEZNAMENÁ ani NEIMPLIKUJE žádnou spojitost či podporu jakéhokoli druhu mezi touto společností a touto knihou, jejím autorem nebo vydavatelem.

[4] Zákaznická podpora 23andMe, Zprávy, Původ, Složení, „Referenční populace a regiony 23andMe“, citováno z webových stránek 23andMe, září 2022.

- Východní Evropa: Polsko, Bělorusko, Česká republika, Estonsko, Maďarsko, Lotyšsko, Litva, Rusko, Slovensko, Slovinsko a Ukrajina.
- Jižní Evropa: Řecko a Balkán, Itálie, Sardinie, Španělsko a Portugalsko a jižní Evropa obecně.

Skupina střední a jižní Asie:

- Střední Asie, severní Indie a Pákistán: bengálská a severovýchodní indická, středoasijská, gudžarátská patidarská, [a] severoindická a pákistánská, jihoindická podskupina.
- Jižní jihoasijská, malajálská podskupina, [a] jihoindická a srílanská.

Skupina Amerindů:

- Aljaška, povodí řeky Columbia, Velká pánev a dolní povodí řeky Colorado, Velká jezera a Kanada, severovýchod, pláně, střední jih, [a] jihozápad.

Skupina východní Asie:

- Čína: severní Čína a Tibet; jižní Čína a Tchaj-wan; jižní Čína; Vietnam; Filipíny a Austronesie; Indonésie, Thajsko, Kambodža a Myanmar; čínští Dai; Japonsko a Korea.
- Severní Asie: Mandžusko a Mongolsko, Sibiř, [a] severní Asie obecně.
- Východní Asie obecně.

Skupina subsaharské Afriky:

- Západní Afrika: Ghana, Libérie a Sierra Leone, Nigérie, [a] obecně západní Afrika.

- Severovýchodní Afrika: Súdán, Etiopie a Eritrea, Somálsko, [a] obecně severovýchodní Afrika.
- Kongo a jihovýchodní Afrika: Angola a Kongo, jihovýchodní Afrika, [a] obecně Kongo a jihovýchodní Afrika.
- Afričtí lovci a sběrači: Pygmejové a Sanové ze střední a jižní Afriky.

Skupina západní Asie a severní Afriky:

- Arabská, egyptská a levantská: koptská egyptská, egyptská, levantská, arabská z Arabského poloostrova, obecně arabská, [a] egyptská a levantská.
- Severní Afrika: Alžírsko, Libye, Maroko a Tunisko.
- Severozápadní Asie: Anatolie; Kypr; Írán, Kavkaz a Mezopotámie a obecně severozápadní Asie.
- Melanéská skupina: Fidži a denisovská DNA.

Kromě toho má společnost 23andMe kategorii „aškenázští Židé“, kterou odlišuje od kategorie „levantinští“ na základě přítomnosti některých evropských ukazatelů, které svědčí o smíšení určitých evropských skupin a Židů ve východní Evropě v období demografického zúžení.[5]

## Domácí testy DNA na určení původu založené na biologických základech rasy

23andMe samozřejmě není jedinou komerční službou nabízející testování DNA k určení původu. V současné době existuje velké množství podobných služeb a všechny se více či méně řídí stejnými kategoriemi. Skutečnost, že takové

[5] Všechny tyto kategorie pocházejí z informačních listů společnosti 23andMe.

kategorizace lze provést pomocí testů DNA ze vzorků slin, je v přímém rozporu s tvrzením popíračů ras, že rasové kategorie nemají žádný biologický základ.

Ve skutečnosti je schopnost určit rasový původ pomocí vzorků DNA absolutním, přesvědčivým a nevyvratitelným důkazem toho, že rasa má biologický základ a že tyto znaky jsou zjevně dědičné.

## Forenzní analýza odhalila fyzikální vlastnosti obsažené ve vzorcích DNA

Z nepatrných vzorků DNA lze nejen určit rasový a regionální původ, ale podrobná analýza SNP umožňuje forenzním vědcům rekonstruovat rysy obličeje, typ pleti, barvu vlasů, typ vlasů a všechny další charakteristiky dané osoby.

Tento druh analýzy DNA využívají policejní útvary po celém světě k identifikaci podezřelých, k objasňování trestných činů[6] a dokonce i k vytváření „identikitů“ rozložených těl.[7]

Existuje řada komerčních společností, které tyto služby nabízejí. Jednou z nich je společnost se sídlem v americkém státě Delaware, která působí pod názvem Parabon Nanolabs.[8]

---

[6] „How new forensic science is helping police solve cold cases like the Golden State Killer“, New York Post, 9. září 2022.

[7] „DNA helps Florida investigators ID victim 41 years later,“ The Associated Press, 22. července 2022.

[8] Je třeba znovu zdůraznit, že zmínka o společnosti Parabon Nanolabs jako o příkladu firmy, která poskytuje orgánům činným v trestním řízení služby v oblasti fenotypizace DNA, je v této knize čistě náhodná. Existují i jiné společnosti a orgány činné v trestním řízení, které poskytují stejné služby. Je důležité poznamenat, že mezi společností Parabon Nanolabs a touto knihou, jejím autorem, vydavatelem ani žádným jiným subjektem neexistuje žádná souvislost, podpora ani jakékoli jiné spojení. Veškerý zde použitý materiál je volně dostupný.

Tato společnost se specializuje na pomoc orgánům činným v trestním řízení při objasňování trestných činů, a to díky tomu, že analýza SNP dokáže na základě samotných genetických ukazatelů přesně předpovědět vzhled dané osoby.

## Policie využívá DNA k určení rasy a vytvoření identikitů

Některé příklady schopnosti identifikovat rasu, fyzický vzhled a rasový původ pouze na základě malých vzorků DNA jsou patrné z ilustrací na následujících dvou stránkách, které využívají policejní útvary po celém světě a společnost Parabon Nanolabs k propagaci svých služeb.

Společnost Parabon Nanolabs zakládá svůj klasifikační proces na rozdělení lidí do takzvaných „sedmi kontinentálních populací: africké, blízkovýchodní, evropské, středoasijské/jihoasijské, východoasijské, oceánské a indiánské“ a uvádí, že je to možné díky podrobné analýze SNP na jednotlivém vzorku.[9]

[9] „Predicting Genetic Ancestry With Snapshot“, Parabon Nanolabs, citováno v září 2022 z adresy snapshot.parabon-nanolabs.com/ancestry.

*Nahoře: Rasová příslušnost a fyzický vzhled (zleva doprava, shora dolů) Afričana (s příměsí), Severoevropana/Středoevropana, Severoevropana a Východoasijce (Číňana) byly přesně předpovězeny pouze na*

*základě malých vzorků DNA. Rasu a fyzický vzhled lze určit analýzou jednonukleotidových polymorfismů („SNP“) z nepatrného množství genetického materiálu. Předpovězená rasa a fyzický vzhled jsou uvedeny vlevo od každého obrázku a skutečná osoba je vpravo.*

*Nahoře: Rasová příslušnost a fyzický vzhled (zleva doprava, shora dolů) Inda (jižní a střední Asie), západního Evropana, Evropana s indiánskou příměsí a Afričana (s příměsí) byly přesně určeny pouze na základě malých vzorků DNA. Rasu a*

*fyzický vzhled lze určit analýzou jednonukleotidových polymorfismů („SNP“) z nepatrného množství genetického materiálu. Předpovězená rasa a fyzický vzhled jsou uvedeny vlevo od každého obrázku a skutečná osoba je vpravo.*

## Genetika umožňuje konečné vymezení pojmu „rasa“: skupina se společnou DNA

Nelze tedy již pochybovat o tom, že rasa a rasové rozdíly představují skutečné biologické jevy, které lze pozorovat pouhým okem a které mají genetický původ.

Zbytek této knihy se zabývá tím, jak přesně genetika a DNA utvářejí rasy, a přináší popis těchto hlavních rasových skupin světa.

Zde však lze definitivně říci, že definice rasy zní následovně: **úzce příbuzná skupina lidí, jejichž společný fyzický vzhled (a, jak bude ukázáno, i psychologie) je určen výhradně genetickými faktory.**

# Struktura lidské DNA

Kdokoli se snaží pochopit, jak genetika utváří rasy, musí nejprve správně porozumět struktuře lidské genetiky. Za tímto účelem je nutné zajistit, aby čtenář jasně chápal všechny klíčové pojmy, s nimiž se setká při jakékoli diskusi o genetice, a konkrétně o tom, jak vznikají rasy. Následující přehled je proto pro takové porozumění zásadní a čtenáři se důrazně doporučuje, aby tuto kapitolu nepřeskočil, protože vytváří rámec pro pochopení stálosti rasových charakteristik, které jsou výhradně výsledkem dědičnosti.

## Lidská buňka

Buňka je základním stavebním kamenem všech živých organismů a lidské tělo není výjimkou. Lidská buňka je nepatrná – měří asi 100 mikrometrů (což je jedna tisícina milimetru, neboli asi 0,00004 palce). V průměrném lidském těle se nachází přibližně 30 bilionů buněk.

Buňka se skládá z řady částí, ale pro pochopení genetiky je nejdůležitější jádro. Jádro je část, která obsahuje dědičný materiál buňky. Tento genetický materiál je jediným určujícím faktorem povahy a podoby vnitřního i vnějšího vzhledu dané buňky, protože všechny ostatní funkce buňky – a těla – jsou kódovány pokyny danými tímto dědičným materiálem.

## Deoxyribonukleová kyselina (DNA)

Právě uvnitř buňky se nachází deoxyribonukleová kyselina, zkráceně „DNA“.

Zjednodušeně řečeno se tato „DNA“ skládá z následujících složek:

## Nukleobáze

Nukleové báze jsou dusíkaté (tj. obsahující dusík) sloučeniny. Pro pochopení lidské genetiky je relevantních pět nukleových bází. Těchto pět nukleových bází je:

- Adenin (označovaný symbolem „A“). Tato sloučenina se skládá z pěti (5) atomů uhlíku, pěti (5) atomů vodíku, pěti (5) atomů dusíku a jednoho (1) atomu kyslíku.
- Cytosin (označovaný symbolem „C“). Tato sloučenina se skládá ze čtyř (4) atomů uhlíku, pěti (5) atomů vodíku, tří (3) atomů dusíku a jednoho (1) atomu kyslíku.
- Guanin (označovaný symbolem „G“). Tato sloučenina se skládá z pěti (5) atomů uhlíku, pěti (5) atomů vodíku, pěti (5) atomů dusíku a jednoho (1) atomu kyslíku. Tato sloučenina se od adeninu liší způsobem, jakým jsou atomy spojeny.
- Tymin (označovaný symbolem „T“). Tato sloučenina se skládá z pěti (5) atomů uhlíku, šesti (5) atomů vodíku, dvou (5) atomů dusíku a dvou (2) atomů kyslíku.
- Uracil (označovaný symbolem „U“). Tato sloučenina se skládá ze čtyř (4) atomů uhlíku, čtyř (4) atomů vodíku, dvou (2) atomů dusíku a dvou (2) atomů kyslíku. Uracil se vyskytuje pouze v takzvané „RNA“ (viz níže).

**Nukleotidy**

Nukleotidy jsou molekuly složené z kombinace: jedné z nukleobází – A, C, G, T nebo U – a molekuly cukru s pěti atomy uhlíku.

V lidské DNA se vyskytují dva typy molekul cukru: deoxyribóza a ribóza. Deoxyribóza má pět (5) uhlíkových atomů, deset (10) dusíkových atomů a čtyři (4) kyslíkové atomy. Ribóza má pět (5) uhlíkových atomů, deset (10)

dusíkových atomů a pět (5) kyslíkových atomů. Pokud molekula cukru obsahuje deoxyribózu, nachází se v „DNA“, a pokud obsahuje ribózu, nachází se v „RNA“ (viz níže); a fosfát, složený z jednoho (1) atomu fosforu a čtyř (4) atomů kyslíku. Pokud je připojen k molekule obsahující uhlík, nazývá se fosfátová skupina.

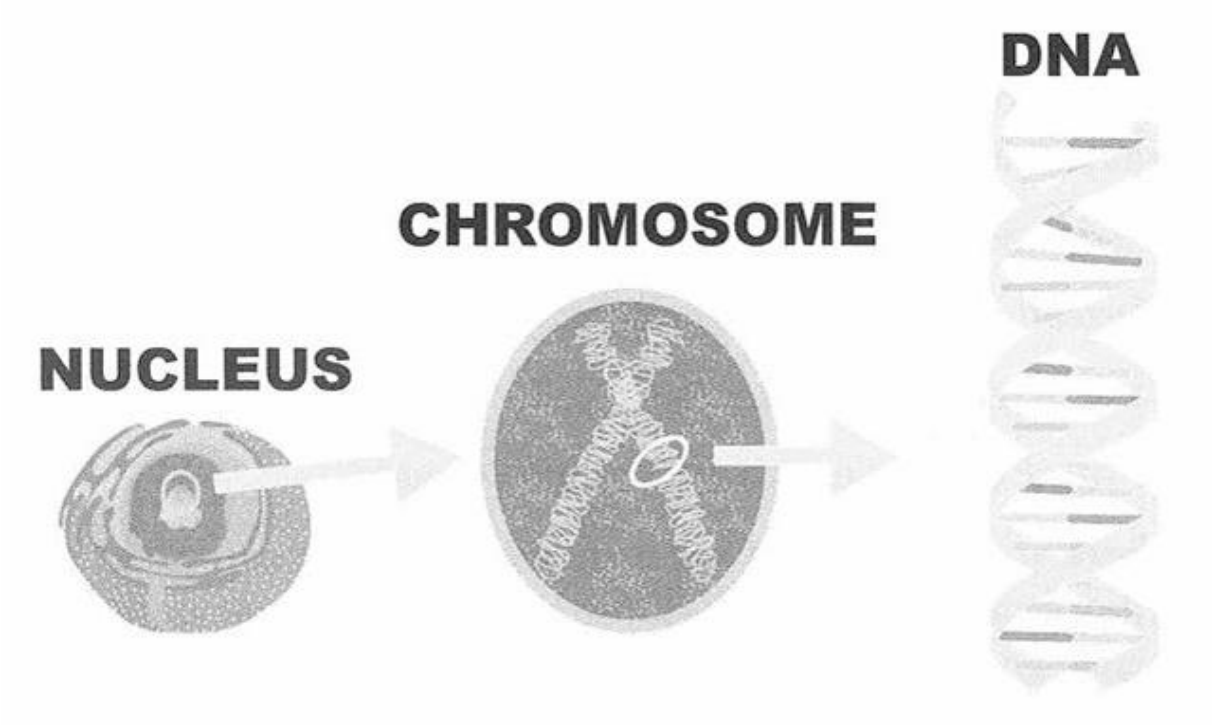
**Polynukleotidy**

Polynukleotidy jsou dlouhé řetězce nukleotidů, které se skládají z „páteře“ tvořené molekulami cukru a fosfátu, přičemž každá molekula cukru je navázána na jednu z nukleobází A, C, G, T nebo U.

DNA je tvořena dlouhými řetězci polynukleotidů.

Dva polynukleotidové řetězce se kolem sebe kroutí a tvoří dvojitou šroubovici. V obecné představě i v médiích je tato šroubovicová struktura nejčastějším znázorněním pojmů „DNA“ a „genetika“.

V této dvojité šroubovici – kterou lze popsat jako „zkroucený žebřík“ – se nukleobáze spojují přes dvě cukrové a fosfátové „páteře“ neboli „řetězce“ specifickým způsobem pomocí vodíkových vazeb. V tomto procesu párování se nukleobáze „C“ vždy páruje s nukleobází „G“ a nukleobáze „A“ se vždy páruje s nukleobází „T“.



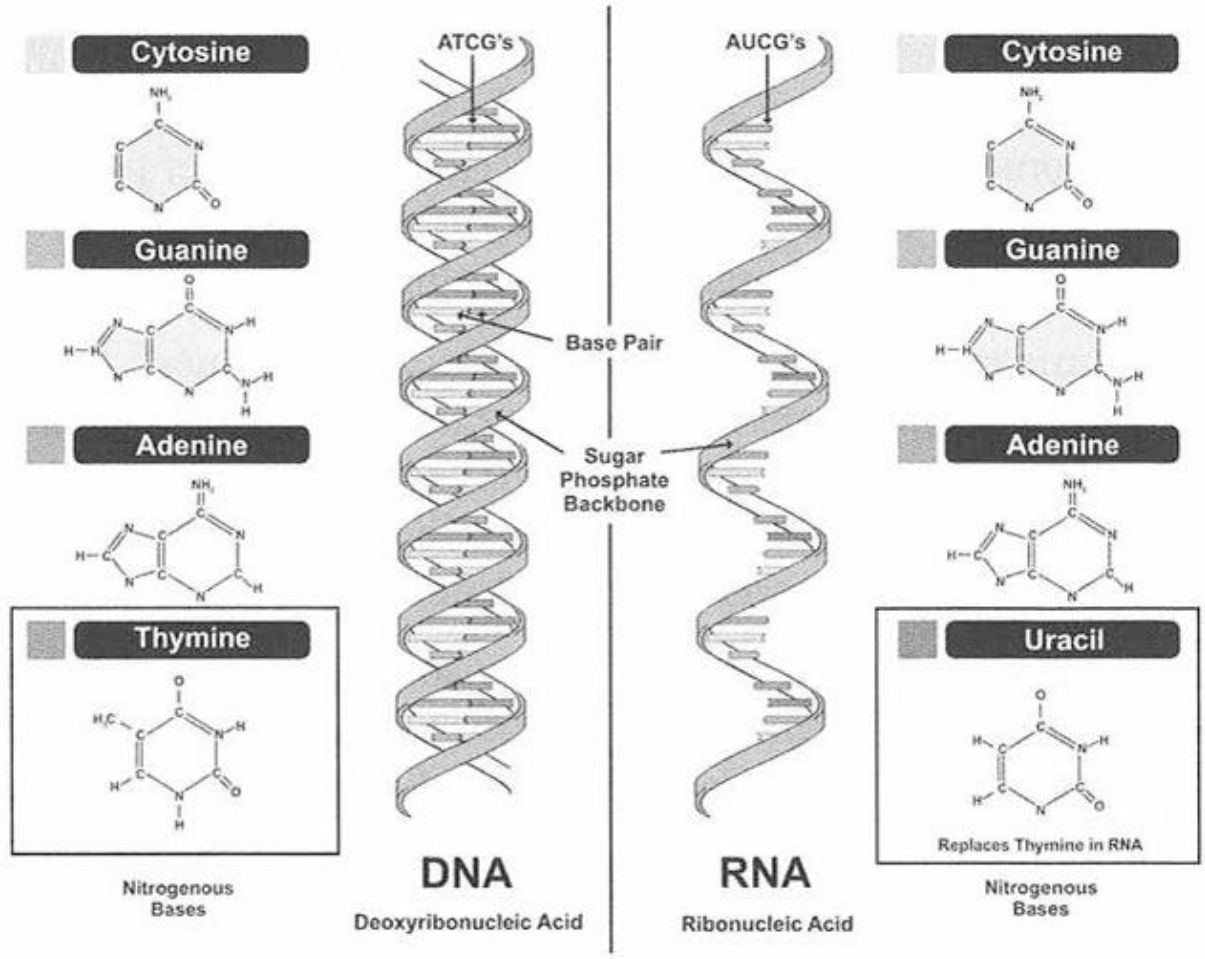

*Jádro – chromozom – DNA.*

Struktura „zkrouceného žebříku“ umožňuje její „kopírování“ nebo „replikaci“ (pomocí enzymu zvaného DNA polymeráza, který sestavuje správné nukleotidové báze a vytváří duplikáty s využitím stávajícího „řetězce“ jako šablony).

„Zkroucený žebřík“ také ukládá informace v lineární sekvenci nukleotidů podél každého řetězce. Právě pořadí, v jakém jsou tyto „báze“ (A, T, G a C) uspořádány, tvoří „genetický kód“ člověka.

Tato čtyřpísmenná „abeceda“ (A, T, G a C) je uspořádána do specifických formátů, které se nazývají „kodony“. Tyto kodony představují chemické složení konkrétních

aminokyselin. Například kodon „AGC“ kóduje aminokyselinu serin a kodon „ACC“ kóduje aminokyselinu threonin.




*Řetězec DNA (vlevo) znázorňuje své čtyři chemické složky („nukleobáze“) a jejich uspořádání uvnitř struktury „dvojité šroubovice“. Vpravo je řetězec RNA, jehož čtyři nukleobáze jsou uspořádány do struktury jednoduché šroubovice.*

## Ribonukleová kyselina (RNA)

Jednou ze složek buňky je takzvané „cytoplazma“. Jedná se o tekutinu obklopující jádro. Obsahuje ribonukleovou kyselinu, neboli „RNA“.

Stejně jako DNA se i tato RNA skládá z řetězce nukleotidů, s tím rozdílem, že místo thyminu („T“) obsahuje nukleobázi uracil („U“). RNA má také pouze jednovláknovou strukturu, která je do sebe složená, a nemá „dvojitou“ nebo „žebříkovou“ strukturu jako DNA.

Účelem RNA je řídit proces, kterým se vytvářejí proteiny (pomocí systému zvaného „messengerová RNA“ nebo mRNA, „transferová RNA“ nebo tRNA a ribozomální RNA). RNA také řídí proces známý jako „regulace genů“, který určuje, kdy, jak a v jakém množství se gen „exprimuje“ (aktivuje).

## Chromozomy

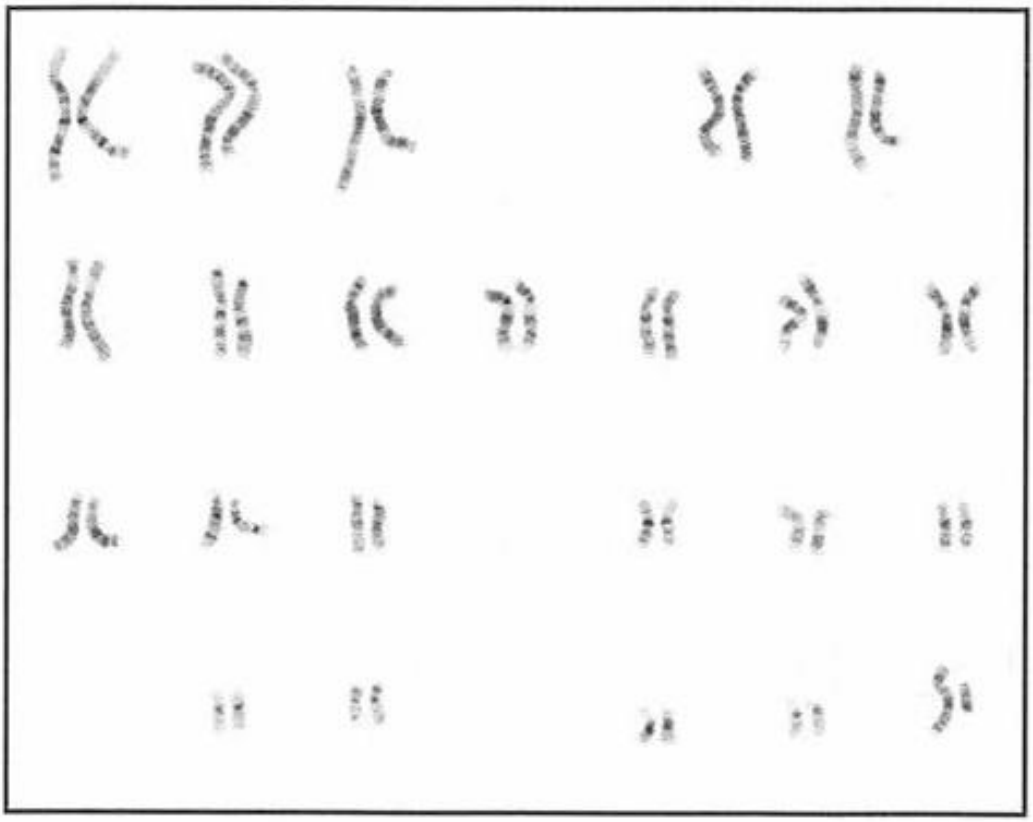
Chromozom je řetězec DNA (tj. řetězce polynukleotidů uspořádané do „zkroucené žebříkové struktury“), který je spojen s bílkovinami a pevně zabalen do samostatných jednotek.

Všichni lidé mají dva (2) páry „pohlavních chromozomů“ – řetězce DNA, které určují, zda je daný jedinec muž nebo žena, a dva páry dvaceti dvou (22) chromozomů, které určují vše ostatní o daném jedinci. Tyto chromozomy, které neurčují pohlaví, se nazývají „autosomy“.

Molekuly DNA uvnitř chromozomu jsou těsně navinuty kolem proteinů (nazývaných „histonové proteiny“), které stlačují řetězce DNA a pomáhají určovat, jak se chovají.

Existuje pět základních histonových proteinů, pojmenovaných H1 až H5. H1 a H5 jsou „spojovací histony“, které spojují řetězce DNA, a H2, H3 a H4 jsou „jádrové histony“, kolem nichž je DNA navinuta.

Každý chromozom má rameno „p“ a rameno „q“. Tyto označení se vztahují pouze k délce segmentů, přičemž „p“ (z francouzského slova „petit“) je kratší rameno a „q“ (pojmenované tak pouze proto, že je to písmeno v abecedě následující po „p“) je delší rameno.



*Obrázek normálního chromozomového souboru lidského muže, nazývaný „karyotyp“.*

## Geny

„Gen“ tvoří řada nukleotidů na řetězci DNA na konkrétním místě chromozomu.

Jinými slovy, „geny“ jsou oblasti na chromozomech, které řídí určité funkce. Člověk má nejméně 20 500 genů a velikost

těchto genů se pohybuje od několika set bází DNA až po více než dva (2) miliony bází.

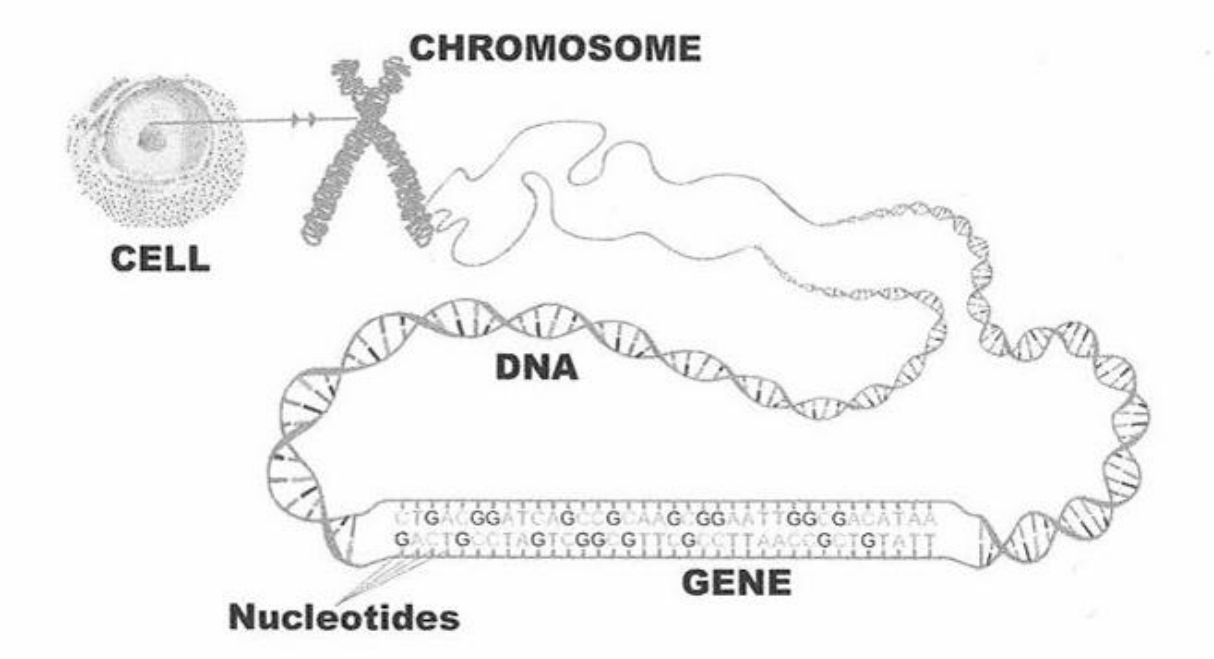
Skutečná poloha genu na chromozomu se nazývá „lokus“ (v množném čísle loci).

Každý jedinec má dvě kopie každého genu, jednu zděděnou od každého z rodičů.

Geny se skládají ze tří typů nukleotidových sekvencí:

- kódující oblasti, nazývané „exony“, které určují sekvenci aminokyselin.
- nekódující oblasti, nazývané „introny“, které neurčují aminokyseliny, ale hrají zásadní roli při tvorbě a množství proteinů v genu. Poskytují také „prostor“ pro přidání nových exonů do sekvence DNA.
- regulační sekvence, které hrají roli při určování, kdy a kde se protein vytváří (a v jakém množství).

Kromě toho existují takzvané „pseudogeny“, což jsou úseky DNA, které představují „nadbytečné“ kopie jiných genů, ale vyznačují se tím, že postrádají sekvence nezbytné k jejich expresi.




*Jádro – chromozom – DNA – gen.*

## Alely

Pokud se na určitém místě (lokus) na chromozomu vyskytuje kterýkoli z dvou nebo více genů, nazývají se alely.

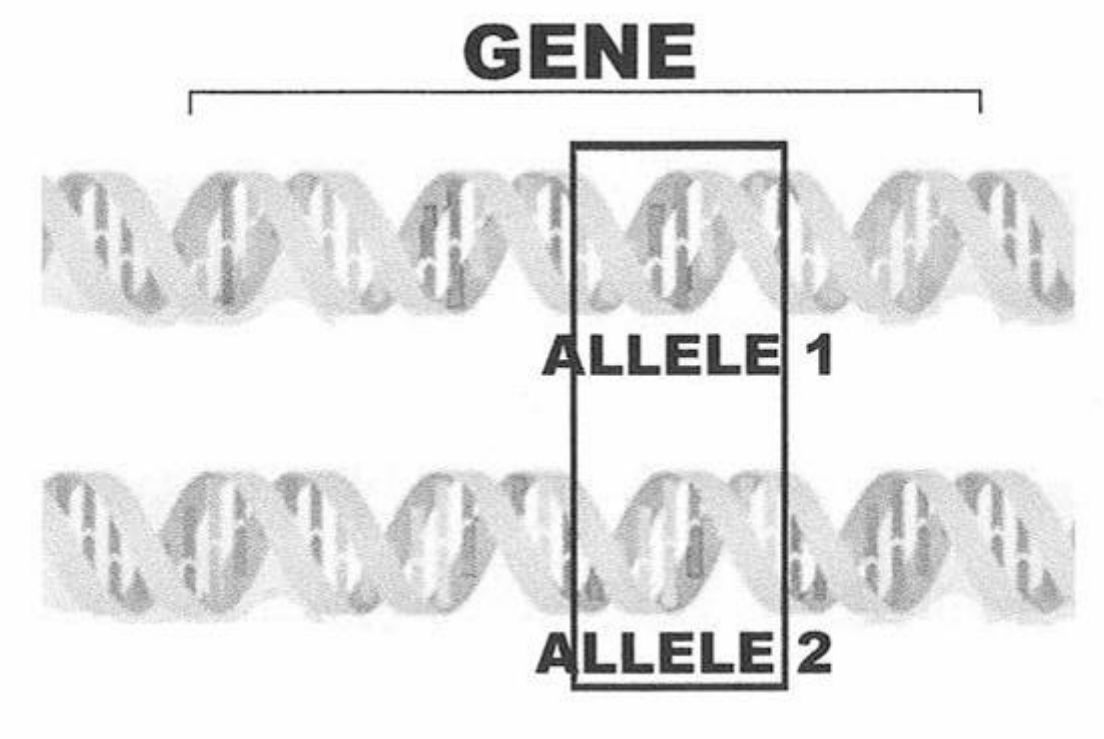
Alely se mohou vyskytovat v párech, nebo může existovat více alel ovlivňujících „projev“ určitého znaku. Tomu se říká „genotyp“ neboli genetická výbava jedince.

Pokud jsou párové alely stejné, genotyp se nazývá „homozygotní“, a pokud jsou odlišné, genotyp se nazývá „heterozygotní“.

Alela je tedy variantní forma genu.

Alela se nazývá „dominantní“, pokud v heterozygotním páru převažuje nad znaky jiných alel. Pokud je alela „recesivní“, znamená to, že v jakémkoli heterozygotním páru bude vždy potlačena dominantní alelou.

Daný gen může mít více různých alel, i když v lokusu genu u každého jedince jsou přítomny pouze dvě alely.




*Umístění genu a alely na řetězci DNA.*

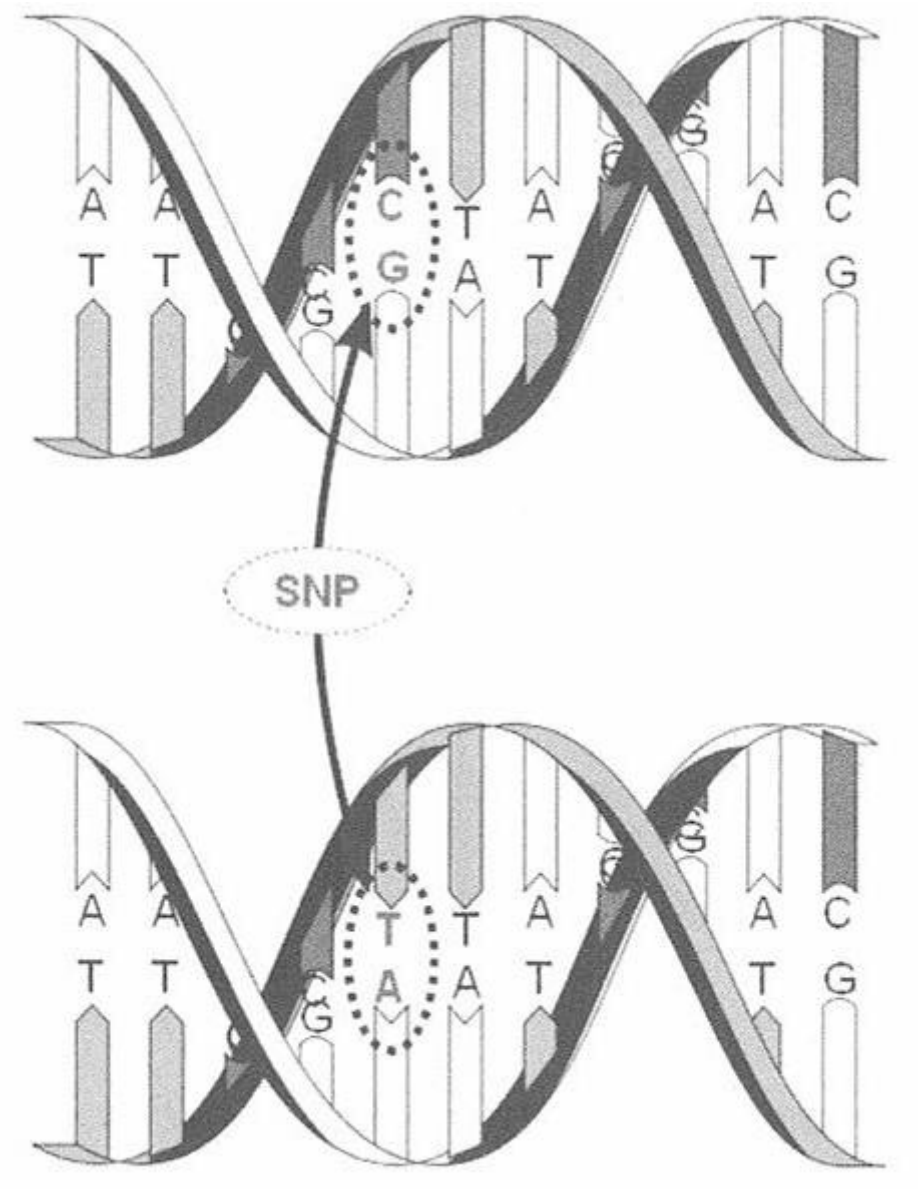
Alely mají v lidské genetice zásadní význam. Spolu se SNP (viz níže) hrají klíčovou roli při určování všech fyzických i psychických znaků jedince.

Tyto alely určující znaky se mohou vyskytovat v párech nebo v různých kombinacích. Bez ohledu na to, jak jsou propojeny, jsou to právě tyto alely, které určují expresi genu: jinými slovy, jak se gen projevuje a jak se tvoří.

Pokud má tato exprese podobu fyzického vzhledu určitého znaku, výsledek se nazývá fenotyp. Jedná se o vnější fyzický vzhled daného jedince.

## Jednonukleotidové polymorfismy (SNP)

„Jednonukleotidový polymorfismus“ (zkráceně „SNP“, často označovaný jako „snip“) je varianta na pozici jedné báze ve struktuře DNA, která se nachází v místě, kde se spojují dvě nukleotidové báze (A a C nebo G a T).




*Poloha jednonukleotidového polymorfismu (SNP) uvnitř řetězce DNA.*

Variace SNP představují nejčastější typ genetické variability mezi lidmi a ovlivňují všechny vlastnosti, ať už fyzické (vzhled a zdraví), nebo psychické (charakter a kognitivní schopnosti).

Každý SNP představuje rozdíl v jediném nukleotidu. To může například znamenat nahrazení nukleotidu „C“ nukleotidem „T“ v určitém úseku DNA. Tato změna pak ovlivňuje celou „expresi“ nebo výstup daného genu.

SNP hrají významnou roli při určování původu, protože jedinci z blízce příbuzných skupin mají podobné SNP.

To znamená, že čím jsou si jedinci bližší, tím více SNP budou mít společných.

**Haplotypy: X, Y a mtDNA**

Každý člověk má určité alely, které zůstávají vždy stejné a nikdy nedochází k jejich změně. Tyto alely se nazývají haplotypy.

Dvě z těchto skupin alel – „X“ a „Y“ – samy o sobě tvoří chromozomy a stejně jako ostatní chromozomy se nacházejí uvnitř buňky.

Chromozomy X a Y mají primární funkci při určování pohlaví jedince, přičemž chromozom X je ženský chromozom a chromozom Y je jeho mužský protějšek.

Chromozom Y obsahuje nejméně 55 genů, zatímco chromozom X obsahuje nejméně 900 genů. Lidská vajíčka, jaká nosí žena, mají vždy chromozom X.

Pohlaví se určuje v okamžiku početí v závislosti na chromozomu, který nese spermie. Pokud spermie nese chromozom X, plod (který již má „vestavěný“ chromozom X)

bude mít nakonec dva chromozomy X (XX) a bude tedy ženského pohlaví. Pokud spermie nese chromozom Y, plod bude mít nakonec chromozom X a Y (XY) a bude mužského pohlaví.

Tento jednoduchý proces s sebou nese důležitý genetický důsledek: a to, že chromozomy Y se tedy předávají beze změny z otce na syna.

V důsledku toho poskytuje studium chromozomů Y cenný vhled do původu daného jedince, pokud jde o jeho otcovskou linii.

X chromozom však obsahuje také DNA pocházející z části otcovské linie dané ženy, a proto je při určování výhradně mateřské linie méně spolehlivý.

Právě zde hraje důležitou roli další skupina alel, známá jako „mitochondriální DNA“ neboli mtDNA. Mitochondriální DNA se nachází mimo jádro buňky, na rozdíl od výše zmíněných chromozomů, které se nacházejí uvnitř buněčného jádra.

mtDNA slouží primárně jako „zdroj energie“ pro buňky, ale protože se dědí výlučně po ženské linii, slouží ke stejnému účelu při sledování předků, jako chromozomy Y u mužů. mtDNA je také klasifikována jako haplotyp.

**Haploskupiny**

Pokud jsou si jednotlivci blízce příbuzní, sdílejí všichni určitý haplotyp – s největší pravděpodobností pocházející od jediného předka nebo malé skupiny předků s jedinečnou mutací SNP.

Haploskupiny Y a mtDNA jsou spolehlivými ukazateli rodové linie – a tedy i původní zakladatelské skupiny daného jedince.

**Autosomální DNA (atDNA)**

Autosomální DNA je jednoduše veškerá DNA, která není svou povahou určující pohlaví. To znamená, že veškerá DNA, která není součástí chromozomů X nebo Y, se označuje jako „autosomální DNA“.

Autosomální DNA, která obsahuje drtivou většinu genetického materiálu, SNP a alel, poskytuje bohaté informace o jedinci, včetně původu, zázemí, fyzických charakteristik a tak dále.

Jedinci, kteří sdílejí velké množství autosomální DNA, jsou samozřejmě také blízce příbuzní. Tato skutečnost také poukazuje na „skupiny“ lidí nebo „rodiny“ lidí.

**Jak se pojmenovávají haploskupiny**

Stejně jako chromozomy X a Y i autosomální haploskupiny (tj. haploskupiny, které neurčují pohlaví) dostaly abecední „označení“, aby se od sebe navzájem odlišily.

Y chromozomy jsou tak pojmenovány od A do R a haploskupiny mtDNA od A do Z.

X chromozomy nejsou číslovány ani kategorizovány stejným způsobem, protože podléhají náhodným mutacím vzhledem k tomu, že nejsou děděny výhradně po ženské linii.

Jelikož zjevně dochází k určitému zdvojení abecedních názvů, je důležité, aby název haploskupiny vždy uváděl, zda se jedná o „Y“ nebo „mtDNA“.

## „Podskupiny“ haploskupin

V rámci každé haploskupiny se často vyskytují drobné variace („mutace“) na úrovni SNP. Pokud k jedné z těchto variací dojde, je haplotyp zařazen do vlastní kategorie, neboli podskupiny, která spadá pod hlavní haploskupinu.

Každá podskupina dostane název podle SNP mutace, která se vyskytuje v nejvzdálenějším bodě od centra alely. Tento „nejvzdálenější“ SNP se nazývá „terminální SNP“.

Tyto podskupiny se nazývají „subklady“ nebo „klady“.

Subklady se identifikují podle názvu. První písmeno názvu subkladu bude „abecední název“ haploskupiny její „rodičovské“ haploskupiny, za kterým obvykle následuje pomlčka a název terminálního SNP.

Praktickým příkladem je Y chromozom zvaný haploskupina R. Tato haploskupina je rozdělena do velkého počtu subkladů, z nichž každý se vyskytuje v různých regionech, kde se členové této skupiny usadili. Mezi názvy některých podskupin haploskupiny R patří ROa, RI, Ria, Rial: R2, R3, R5, R5a, R5al, R5a2 a tak dále.

## Určení polohy konkrétních genů a alel

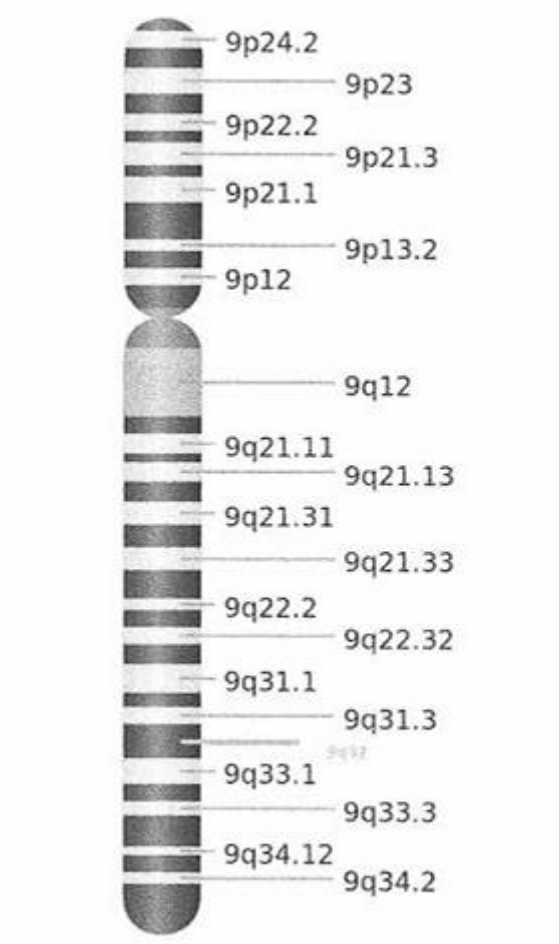
Aby se vědcům usnadnila identifikace konkrétních genů, byly chromozomům přiděleny „adresy“ na základě:

- „čísla“ chromozomu (tj. chromozomy 1 až 22; chromozomy X a Y nemají čísla) a
- sekvence nukleotidů, z nichž se chromozom skládá.

Tyto nukleotidové sekvence se nazývají „pásy“ a představují specifické oblasti na chromozomu. Tyto pásy se

objeví, když je chromozom při laboratorní analýze zbarven určitým způsobem.

První číslo nebo písmeno používané k popisu „adresy“ genu označuje chromozom. Autosomální chromozomy 1 až 22 jsou označovány číslem chromozomu. Pohlavní chromozomy jsou označovány písmeny X nebo Y.




*Lidský chromozom 9 s vyznačenými některými genovými lokusy (čísla začínající 9p a 9q).*

Tento systém ilustrují dva příklady:

- Gen s názvem „IGF2R“, konkrétně alela 5 (která patří k důležitým genům ovlivňujícím inteligenci), se nachází na lokaci „6q25-27“.

To znamená, že tento gen se nachází na chromozomu 6, na q-raménku („dlouhém“ raménku), v pásmech 25 až 27.

- Gen s názvem „CYP4B1“ (který řídí metabolismus léčiv a syntézu cholesterolu, steroidů a dalších lipidů u jedince) se nachází na pozici lp33.

To znamená, že tento gen se nachází na chromozomu 1, na rameni „p“ („krátkém“ rameni), v pásmu 33.

**Faktory ovlivňující „genetickou rozmanitost“**

Z výše uvedeného by čtenáři mělo být jasné, že všechny tyto aspekty DNA jsou dědičné, tedy předávané z rodičů na děti. K tomu dochází vždy beze změny.

Existují však některé faktory, které mohou určovat, které znaky se předávají a které nikoli. „Ztráta“ — nebo „přidání“ — některých znaků vede k tomu, co se běžně nazývá „genetická rozmanitost“ v rámci skupiny.

Existuje pět hlavních faktorů, které vytvářejí genetickou rozmanitost: mutace, genetický drift, přirozená selekce, migrace a nenáhodné vzorce páření.

- „Mutace“ jsou výsledkem změn v nukleotidovém řetězci DNA. Vznikají v důsledku chyb při replikaci DNA nebo vlivem vnějších faktorů, jako jsou například chemické látky.

Tyto mutace mohou mít v důsledku změněného kodonu „domino efekt“ na způsob, jakým se geny „projevují“. Jedním

z příkladů je srpkovitá anémie, která se vyskytuje u osob afrického původu. Jedná se o takzvanou „bodovou mutaci“. Tato mutace se dědí stejně jako všechny ostatní vlastnosti.

- „Genetický drift“ je název pro náhodné výkyvy, které vyplývají z přenosu alel z jedné generace na druhou. To je zvláště patrné u geograficky izolovaných populací (kde často dochází k takzvanému „efektu zakladatele“ – k prosazení určitého znaku v důsledku opakované příbuzenské plemenitby). K tomuto jevu může docházet i u populací, které se izolovaly z vlastní vůle, nebo u populací, kde dochází k intenzivní příbuzenské plemenitbě v důsledku sociálních faktorů.

Výsledkem genetického driftu bývá obvykle snížení variability v rámci populace a zvětšení rozdílů mezi dvěma populacemi, které si původně mohly být podobné.

- „Přirozená selekce“ je pojem, který původně navrhl Charles Darwin ve své slavné (a dnes často nesprávně citované) knize, jejíž úplný název zní On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life. Přirozená selekce znamená, že se prostředí může změnit do takové míry, že již existující řetězec DNA nebo fyzický znak se stane dominantním, protože ostatní řetězce DNA nejsou pro přežití ve změněném prostředí vhodné.

Příklad srpkovité anémie tento jev opět dobře ilustruje; jedinci s mutací způsobující srpkovitou anémii se zdají být vůči malárii odolnější než jedinci bez této mutace, a proto jedinci bez této mutace na tuto nemoc umírali častěji. Úmrtí jedinců bez této mutace nevyhnutelně vedlo k tomu, že se počet nositelů

mutace zvýšil. Jedinci západoafrického původu proto tvoří nejpočetnější skupinu nositelů srpkovité anémie.

- „Migrace“ znamená přesně to, co slovo napovídá: přesun různých skupin do jiných geografických oblastí. Přesun skupin s odlišným genetickým složením nevyhnutelně vede k větší genetické rozmanitosti na území, kam se tyto skupiny přestěhovaly (samozřejmě za předpokladu, že daná oblast již byla osídlena jinou skupinou). To je důvodem existence „smíšených“ skupin v mnoha oblastech světa.
- „Nenáhodné vzorce páření“ mohou vést k jevu známému jako „inbreeding“. To může také způsobit dominanci určitých znaků nebo, v negativním smyslu, vznik mutací způsobujících vážná onemocnění. Jedním z nejznámějších příkladů nenáhodných vzorců páření jsou zřejmě Židé.

Úmyslné snahy této skupiny omezit se na úzký okruh zakladatelů vedly ke vzniku celé řady genetických onemocnění u Židů, z nichž nejznámější je Tay-Sachsova choroba.

## Testování krátkých tandemových repetic (STR) a polymerázové řetězové reakce (PCR)

Krátké tandemové repetice (STR) jsou krátké repetitivní sekvence DNA, které se obvykle skládají z maximálně 13 nukleotidů.

Počet opakování těchto STR se stanovuje pomocí testu známého jako polymerázová řetězová reakce (PCR). Jedná se o vědecký postup, který umožňuje vědcům vytvořit miliony kopií úplného nebo částečného vzorku DNA, aby jej bylo možné podrobně prozkoumat.

Testování PCR se nejčastěji používá v kriminalistice a při komerčním testování předků.

Oba tyto procesy mají samozřejmě dopad na původ, protože se používají k určení fyzických a dalších charakteristik jedince z malého vzorku. Mezi tyto charakteristiky patří pohlaví, barva vlasů, barva kůže, barva očí a další atributy, které jasně naznačují rasu nebo fyzický vzhled subjektu.

Testování PCR umožňuje například orgánům činným v trestním řízení určit fyzický vzhled podezřelých pouze na základě vzorku DNA. Tento fyzický vzhled zahrnuje všechny fyzické atributy, které se běžně používají k identifikaci „rasy" osoby – patří sem barva pleti, barva očí a tak dále.

Testování PCR na základě STR dokonce umožňuje rekonstrukci specifických rysů obličeje. Tento proces již byl použit k identifikaci mrtvých osob a k rekonstrukci tváří historických osobností.

**Jak se určuje rodová linie a původ**

Genetické údaje získané ze tří zdrojů: haploskupiny Y, haploskupiny mtDNA a informace z autosomální DNA (konkrétně alely a SNP) umožňují vytvořit přesný obraz o:

- zeměpisném původu dané osoby; a
- vzhledu dané osoby; a
- charakteristikách dané osoby (osobnost, kognitivní schopnosti atd.)

Takto vlastně fungují běžně dostupné „domácí testy na určení původu"; na základě analýzy těchto tří datových sad lze přesně určit původ, povahu a vzhled daného jedince.

**Rasa je výsledkem variací alel a SNP**

Z výše uvedeného přehledu lidské DNA lze vyvodit, že všichni lidé sdílejí tuto základní strukturu. Vyvstává tedy otázka: jak vznikají rasy, tedy skupiny jedinců se společnými fyzickými a psychickými vlastnostmi?

Odpověď na tuto otázku je překvapivě jednoduchá: právě variace v genech vedou k rozdílům, které vnímáme jako rasu.

Gen (který, jak si jistě vzpomínáte, je pouze souborem nukleotidů na řetězci DNA daného chromozomu), který kóduje světlou pleť, se vyskytuje u lidí se světlou pletí. Naopak gen, který kóduje tmavou pleť, se vyskytuje u lidí s tmavou pletí.

Podobně geny, které kódují konkrétní barvy očí, barvy vlasů, strukturu vlasů, kosterní struktury (včetně tvarů lebky, hustoty kostí a délky kostí) a všechny ostatní atributy, podle nichž se rasa identifikuje, se vyskytují pouze u jedinců a skupin jedinců, kteří tyto specifické znaky vykazují.

Tyto geny jsou vždy výsledkem specifických uspořádání alel a specifických SNP. Právě tyto složky DNA určují vnější „projev“ lidské genetiky; jinými slovy, jak jsou jedinci doslova formováni a tvořeni.

Když tento „projev“ nabývá podoby fyzického vzhledu určitého znaku, výsledek se nazývá „fenotyp“.

Pokud má velké množství jedinců podobnou „genovou expresi“ (tj. alely a SNP), mají tendenci nabývat jednotného vzhledu. Tento „jednotný vzhled“ se projevuje ve fyzické podobě rasy.

Jinými slovy: rasu neurčuje podobnost lidské genetické struktury, ale způsob, jakým jsou jednotlivé geny (alely a SNP) uspořádány. Tyto fyzické atributy – které jsou výsledkem

„genové exprese“ – spolu s kategoriemi haploskupin tvoří genetický základ všech rasových skupin.

V následujících kapitolách budou uvedeny příklady konkrétních alel, SNP a haploskupin, které určují tyto fyzické charakteristiky.

Kromě toho budou diskutovány také geny, které kódují kognitivní schopnosti – inteligenci – a charakter.

## Rasa definovaná skupinami haplotypů Y a mtDNA

Čtenář si jistě z předchozí kapitoly všiml, že existují dva druhy DNA, které se vždy předávají beze změny z otce na syna a z matky na dceru. Jedná se o Y-chromozomy u mužů a mtDNA u žen.

Čtenář si jistě také všiml, že fyzické znaky, které se projevují jako navenek viditelné rasové rysy, jsou určovány jednotlivými „geny“ – alelami a jednonukleotidovými polymorfismy (SNP).

### Chromozomy Y a mtDNA poskytují geograficky diferencované stromy lidského původu

Kategorie Y-chromozomu a mtDNA – jejich haploskupiny a podskupiny – tedy představují primární „rodokmeny“ lidské diverzifikace, zatímco „geny“ zajišťují skutečné fyzické projevy, neboli „projevy“ rasy.

Jelikož rasa je kombinací obou těchto faktorů, je možné, že jedinec má haploskupiny Y-chromozomu nebo mtDNA jednoho „rodokmenu“ a některé nebo všechny fyzické atributy jiné skupiny: to je výsledek smíšení.

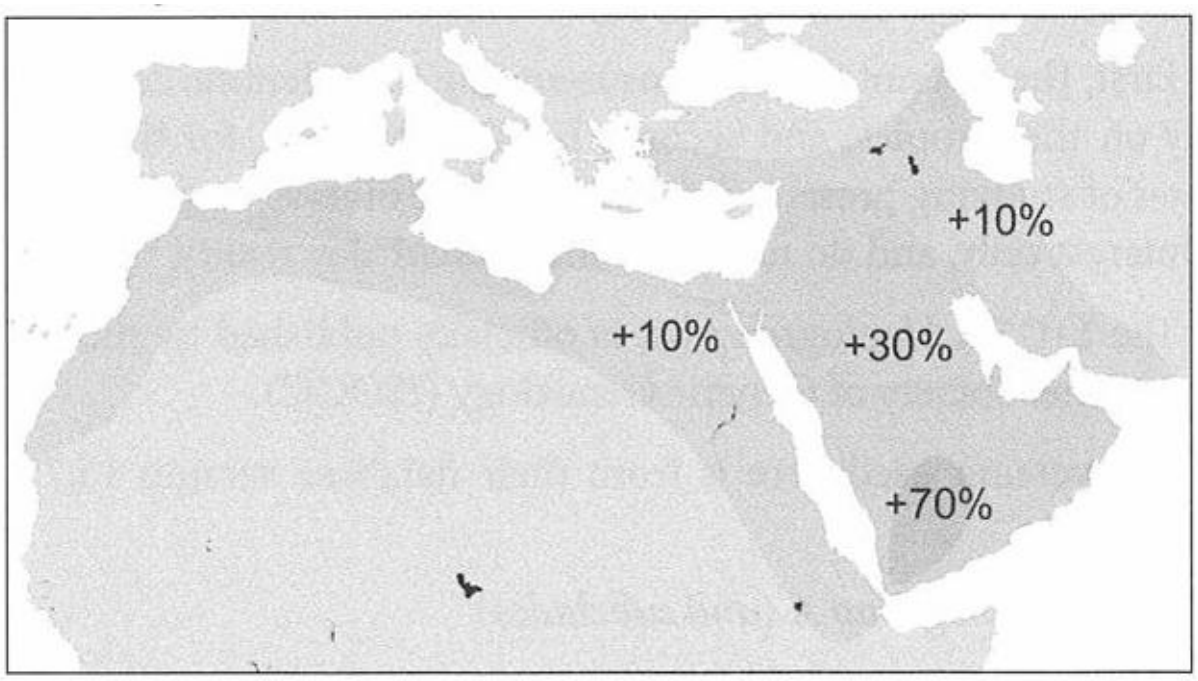
Jinými slovy, pokud má jedinec haploskupinu Y-chromozomu nebo mtDNA jednoho rodokmenu a některé nebo všechny fyzické charakteristiky spojené s jinou rasou, znamená to, že tento jedinec je smíšeného původu: v určité fázi jeho rodokmenu se do této linie vmísil muž nebo žena z jiné skupiny.

Některé praktické příklady tohoto procesu uvedeme později.

Nicméně studiem geografického rozšíření haploskupin Y-chromozomu a mtDNA je možné určit geografickou oblast, kde

daná haploskupina vznikla, a dokonce odhadnout s poměrně velkou přesností, jak dávno k tomu došlo.

Příklad toho je uveden na obrázku níže: Y-haploskupina J1 (která je podskupinou Y-haploskupiny J) se soustřeďuje na Arabském poloostrově a v jeho bezprostředním okolí.




*Rozšíření Y-haploskupiny J1.*

Je tedy zřejmé, že Y-chromozomová haploskupina J1 je „semitská“ haploskupina, která se vyskytuje u jedinců se semitským původem.

Tento závěr potvrdí i několik dalších příkladů: Y-haploskupiny A00, A0-P305, A1a-M31, A1b-M6 nebo B-M60 všechny poukazují na africký původ. Podskupiny lze dokonce rozdělit podle regionů: například podskupina A00 je spojena s kmenem Bangwa v Kamerunu a haploskupina A1b-M6 s

kmenem Khoisan (dříve nazývaným „Křováci“), předky černých afrických národů v jižní Africe.

Tento způsob určování původu často využívají lidé afrického původu v Americe, kteří se snaží zjistit své původní kořeny v Africe. Haploskupiny Y a mtDNA proto slouží jako rozlišovací znaky ras.

Je důležité znovu zdůraznit, že představují genetické vzorce nalezené v určitých populacích, ale samy o sobě neumožňují učinit žádné definitivní závěry o fenotypu, tedy fyzickém vzhledu, těchto jedinců.

## Rodokmeny podle Y-chromozomu podle geografického původu

Tento přehled se nebude zabývat probíhajícími debatami o (1) stáří různých haploskupin ani o (2) stáří údajných rozvětvení v haploskupinových stromech.

Za prvé, mezi vědeckou komunitou neexistuje ohledně těchto témat úplná shoda; a za druhé, obě debaty mají pro účely studia současné rasové genetické rozmanitosti pouze akademický význam a nemají vliv na současnou realitu.

Seznam haploskupin Y-DNA oficiálně vydává Mezinárodní společnost pro genetickou genealogii (ISOGG).

Zde použitá verze pochází z jejich databáze verze 15.73 z července 2020.

Haploskupina A Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: subsaharská Afrika.

Podskupiny haploskupiny Y A (A1-P305) se vyskytují ve střední a západní Africe; A1a-M31 u

obyvatel severozápadní Afriky; A1b1a-M14 se vyskytuje u Khoisanů – původních předbantuských obyvatel jižní Afriky (dříve nazývaných „Křováci“) – a u některých východoafrických populací.

Haploskupina B Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: subsaharská Afrika.

Haploskupina B se vyskytuje častěji v severovýchodní Africe a u kmenů Khoi-San. Vyskytuje se také u současných populací ve zbytku subsaharské Afriky, včetně Pygmejů.

Haploskupina C Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie (Japonsko, Čína, Korea, subklada M217); Oceánie (australští aboriginci, subklada Cl).

Stopy této haploskupiny a jejích subkladů jsou také v menším množství široce rozptýleny po jihovýchodní Asii, u Maorů na Novém Zélandu, ve Střední Asii, v některých částech východní Evropy a u indiánských populací v Severní Americe. Významná subklada se vyskytuje u australských aborigincŭ a obvykle se klasifikuje samostatně.

Haploskupina D Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Tato Y-haploskupina a její subklady se nejčastěji vyskytují v Tibetu (s frekvencí 50 %) a v Japonsku (35 %), lze je však nalézt i v tak vzdálených oblastech, jako jsou populace v Rusku, Nepálu, Kazachstánu a Koreji, na které měl vliv asijský

původ. V menší míře se vyskytuje také v Indii, na Filipínách a, byť ve velmi malém množství, v Nigérii.

Haploskupina E Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední Afrika.

Y-haploskupina E a její hlavní subklady – E1b1a a E1b1b – se soustřeďují v severní části střední Afriky a představují nejrozšířenější haploskupiny v Africe. Podskupina E1b1b se zřejmě v dávné minulosti rozšířila ze severní Afriky, pravděpodobně v důsledku smíšení v raném Egyptě a v období klasických civilizací.

V důsledku toho lze její stopy nalézt po celé oblasti Středozemního moře a v dalších evropských regionech. Vyskytuje se také u aškenázských Židů a na Blízkém východě, včetně Arabského poloostrova.

Haploskupina F Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední Asie.

Tato haploskupina byla nalezena pouze na Srí Lance, v Číně, Indii a Vietnamu.

Haploskupina G (M201) Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední Asie.

Vyskytuje se v malém množství v některých částech Evropy, jižní Asie, Střední Asie a severní Afriky. Je běžná u obyvatel Kavkazu.

Haploskupina H Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední Asie (indický subkontinent).

Romská populace (dříve známá jako „Cikáni“) v Evropě je také charakteristická haploskupinou H Y-DNA. Romy nelze zaměňovat s tím, co mnozí v západní Evropě nazývají „komunitou kočovníků“ (Irish Travellers), často mylně označovanou také jako „Cikáni“. Tato skupina má často irský nebo evropský původ a nemá nic společného s Indií.

Haploskupina I Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Evropa.

Haploskupina Y-DNA I se vyskytuje výhradně u mužů vikingského nebo skandinávského původu a mimo Evropu se prakticky nevyskytuje. Subklada I2a2a1-M284 se vyskytuje téměř výhradně v Británii.

Haploskupina J Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Blízký východ.

Tato haploskupina se soustřeďuje na Arabském poloostrově a rozšiřuje se do severní Afriky, Evropy, Střední Asie, Pákistánu a Indie. Haploskupina J je rovněž dominantní u aškenázských a sefardských Židů, konkrétně u subkladů J2 a J1.

Haploskupina K Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední Asie.

Vyskytuje se na Bali, v Indonésii, Indii a Pákistánu. Vyskytuje se také u australských aboriginců a na dalších ostrovech v této oblasti.

Haploskupina L Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední Asie.

Tato haploskupina se vyskytuje zejména v Pákistánu, Indii, na Srí Lance a v Bangladéši. Její rozšíření sahá až do Iráku, Bahrajnu, Kuvajtu, Saúdské Arábie a jižní Evropy.

Haploskupina M Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Oceánie.

Tato haploskupina je nejrozšířenější v Papui-Nové Guineji, kde tvoří dvě třetiny populace. Určité stopy lze nalézt také u australských aborigineů.

Haploskupina N Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: polární kruh (východní Asie).

Tato haploskupina se vyskytuje u Sámů, sibiřských Eskymáků a dalších populací na dalekém severu Evropy a Ruska.

Haploskupina O Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Nejčastější výskyt v Číně, Japonsku a Koreji. Vyskytuje se také v Indonésii, Melanésii, Mikronésii a Polynésii.

Haploskupina P Y-DNA (a její subklady)

Geografické rozšíření: východní Asie.

Poznámky: Vyskytuje se na Filipínách, v Indii, Číně a dalších blízkých regionech.

Haploskupina Q Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Amerika.

Subklada Y-DNA Q-M3 se v rámci raných migrací rozšířila do Ameriky přes severní Eurasii a dnes je téměř výlučně spojována s indiánskými populacemi Severní, Střední a Jižní Ameriky. Další subklady se vyskytují ve Vietnamu, na Sibiři, v Indonésii, Bhútánu, Uzbekistánu, Pákistánu a na Blízkém východě; v Evropě se vyskytuje jen malé množství variant.

Haploskupina R Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Evropa.

Subklady R1, R1a a R1b jsou nejčastějšími haploskupinami Y-DNA v Evropě. Předpokládá se, že R1a se do Evropy dostala společně s Indoevropany přibližně před 5 000 lety, zatímco R1b se do Evropy dostala o několik tisíc let dříve v rámci migrace ze stepí.

Subklady R1b zasahují do severní Afriky a jihozápadní Asie a jsou spojovány s mužským smíšením v historických dobách. Výskyt haplotypů Y-DNA v Indii je spojován s indoeuropskými vpády před asi 4 000 lety.

Haploskupina S Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Oceánie.

Charakteristická haploskupina Y pocházející z Papuy-Nové Guineje, která se vyskytuje také na sousedních ostrovech (v Indonésii, Melanésii a na

Filipínách). Vyskytuje se také u australských aboriginců.

Haploskupina T Y-DNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Blízký východ.

Vzácný haplotyp, který se vyskytuje na Blízkém východě a v menším množství také na severním pobřeží Středozemního moře a v Evropě.

**Haplotypy Y rozdělují lidstvo do sedmi hlavních geografických skupin**

Z výše uvedeného seznamu čtenář jistě zjistil, že existuje sedm hlavních geografických oblastí, v nichž se vyskytují Y-haploskupiny.

1. Afrika (subsaharská): A, B a E (M40, M96).

2. Východní Asie: C (M217), D, N, O a P.

3. Střední Asie: F, G (M201), H, K a L.

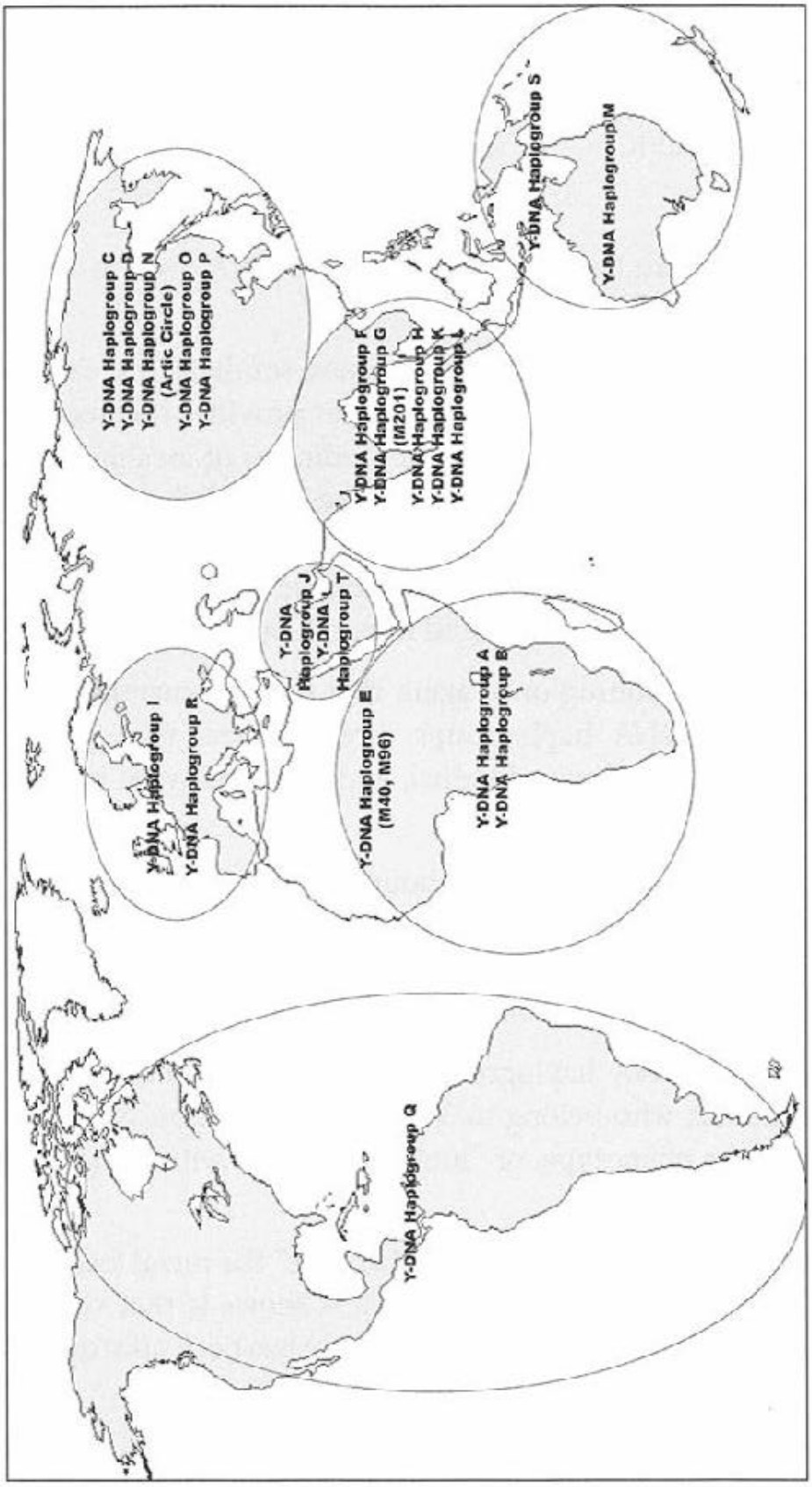
4. Blízký východ: J a T.

5. Oceánie: M, S a Cl.

6. Evropa: I a R.

7. Amerika: Q.

Jedná se o stejné regiony, které se používají při DNA testech k určení „původu“.




*Hlavní haploskupiny Y-DNA, jak se vyskytují po celém světě v místech svého původu. Každá z hlavních haploskupin se dělí na*

*několik podskupin, tzv. „subkladů“, jejichž počet je příliš velký na to, aby je bylo možné na této mapě vyznačit.*

Všechny tyto hlavní haploskupiny Y-DNA mají své podskupiny, nazývané subklady. Rozčlenění těchto subkladů poskytuje hlubší vhled do toho, jak slouží jako přesné ukazatele konkrétních geografických oblastí. Těchto subkladů existuje velmi velké množství – příliš mnoho na to, aby je bylo možné zde všechny uvést –, ale lze je snadno vyhledat na webových stránkách Mezinárodní společnosti pro genetickou genealogii, které jsou pravidelně aktualizovány s přibývajícími novými údaji a výzkumy.[10]

Je třeba znovu zdůraznit, že v současné době neexistují žádné důkazy o tom, že by haploskupiny Y-DNA přímo ovlivňovaly celkový fyzický vzhled jedince, a tedy ani to, co je vnímáno jako „rasa“.

Skupiny Y-DNA však bezpochyby poukazují na otcovský původ z konkrétních oblastí. Tyto oblasti jsou zase spojovány se specifickým „vzhledem“ nebo „fenotypy“, a Y-DNA proto slouží jako cenný indikátor „rasového stromu“ jedince.

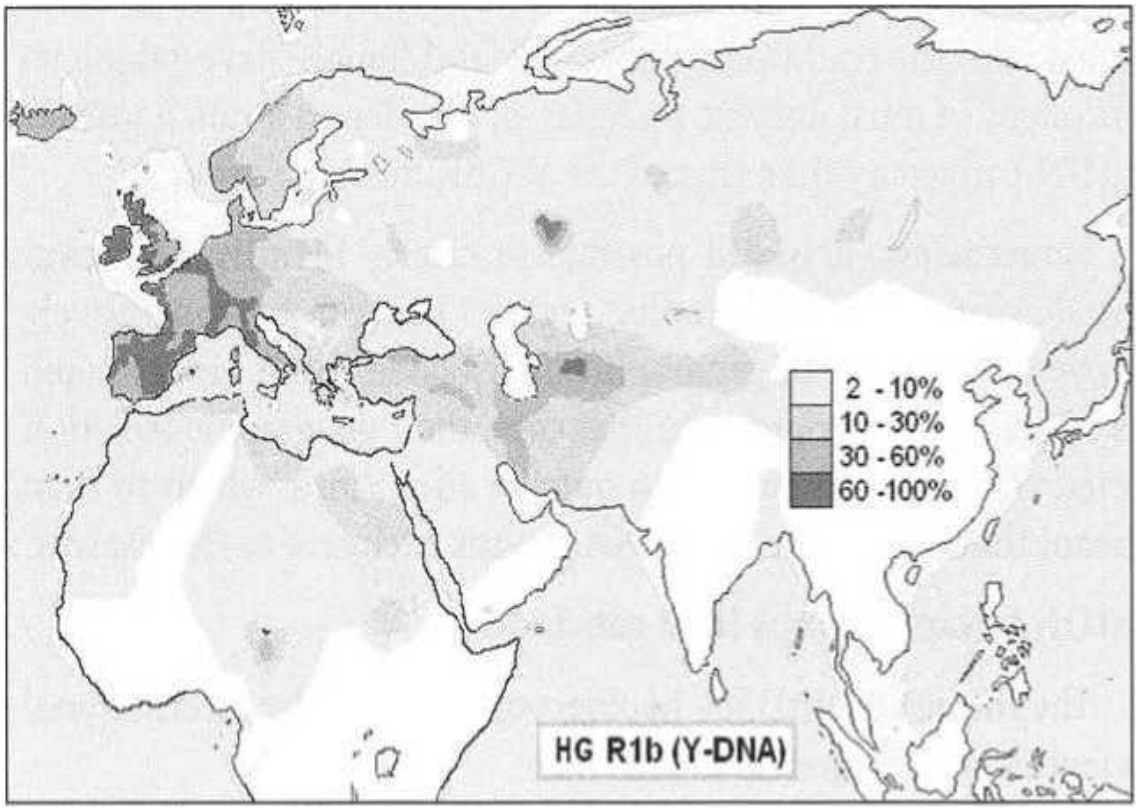
Studie haploskupin Y-DNA také odhaluje, že existuje mnoho jedinců, kteří patří do haploskupin Y-DNA, ale nesdílejí fenotyp, neboli „vzhled“, spojený s geografií jejich haploskupiny.

To není žádná záhada a ani to „nevyvrací“ rasový strom nebo původ poskytnutý analýzou haplotypů. Ukazuje to pouze

[10] Viz isogg.org/tree/index.html (stav k říjnu 2022).

to, že někde v otcovské linii daného jedince došlo v určité fázi, ať už dávno nebo nedávno, k smíšení.

Například podrobná mapa rozšíření haploskupiny R1b – evropské haploskupiny – ukazuje, že její četnost je nejvyšší v západní Evropě a odtud se její výskyt rozšiřuje do okolí. Toto širší rozšíření znamená pouze to, že muži nesoucí haplotyp R1b se v určité fázi smísili s jedinci z jiných regionů.




*Rozložení haploskupiny R1b na Y chromozomu ukazuje, jak daleko se míšení rozšířilo z Evropy.*

Člověk pocházející například z některého ze středoafrických států (kde se haploskupina R1b vyskytuje ve velmi malém množství) bude pravděpodobně vykazovat

fyzické znaky typické pro Afričany, a to i přesto, že má evropskou otcovskou haploskupinu.

Jak již bylo zmíněno a jak bude podrobně vysvětleno v následující kapitole, je to dáno tím, že fyzický vzhled je určován především jinou sadou genů.

## Rodokmeny mtDNA a chromozomů podle geografického původu

Stejně jako Y-chromozomy představují „rodokmeny“ po otcovské linii, představuje mitochondriální DNA (mtDNA) odpovídající rodokmeny po ženské linii. Mezi rodokmeny založenými na Y-chromozomu a rodokmeny založenými na mtDNA existují dva hlavní rozdíly:

(1) Existuje větší počet haploskupin mtDNA; a

(2) Jsou obvykle více rozšířené, protože ve většině společností byla míra migrace žen vždy vyšší než u mužů (díky „patrilokalitě“, tedy tendenci, kdy se žena stěhuje do domácnosti svého manžela, a ne naopak). To v kombinaci s tradičním patriarchátem a otroctvím žen, které bylo ve většině starověkých společností tak rozšířené, vždy vedlo k mnohem větší diverzitě mtDNA než u skupin Y-chromozomů.

Přesto je stále možné jasně identifikovat dominantní skupiny mtDNA podle geografické oblasti. To lze přesvědčivě dokázat v případě geograficky izolovaných rasových skupin, jako jsou australští aboriginci. V tomto případě jejich geografická izolace působila jako fyzická bariéra proti vnějšímu smíšení, což zase znamenalo, že mají skupiny mtDNA, které jsou výlučné pro ně samotné.

## Haploskupiny (a subklady) mtDNA

Úplný seznam haploskupin mtDNA, jak je používá mezinárodní vědecká komunita, je následující:

Haploskupina A mtDNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: Amerika.

Nejvyšší výskyt u Amerindů. Vysoká prevalence ve východní Asii naznačuje původ americké indiánské populace.

Haploskupina B mtDNA (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Nejčastější výskyt v Číně, rozšířený také u Amerindů.

Haploskupina C mtDNA (a její subklady).

Geografická koncentrace: východní Asie.

Nejvyšší zastoupení v oblasti za polárním kruhem, častá také u Amerindů.

Haploskupina mtDNA D (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Nejvyšší zastoupení v severovýchodním Rusku a Číně, častá také u Amerindů.

Haploskupina mtDNA E (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Nejčastější v Malajském souostroví.

Haploskupina mtDNA F (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Vyskytuje se v Číně a zemích Indočíny (Thajsko a Vietnam).

Haploskupina mtDNA G (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Asie.

Vyskytuje se v Japonsku (zejména u Ainu), Mongolsku a Tibetu. V malém množství se vyskytuje i v jiných oblastech východní Asie. U Amerindů zcela chybí.

Haploskupina mtDNA H (a její subklady)

Geografická koncentrace: Evropa.

Nejčastější evropská haploskupina.

Subklada H8 se vyskytuje ve střední Asii a je pravděpodobně spojena s míšením s předindoevropskými populacemi.

Haploskupina mtDNA I (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní Afrika.

Vyskytuje se také v nízké frekvenci v západní a jižní Asii a v jižní Evropě.

Haploskupina mtDNA J (a její subklady)

Geografická koncentrace: Blízký východ.

Vyskytuje se v nižší frekvenci v Evropě, severní Africe, Indii a v izolovaných oblastech subsaharské Afriky.

Haploskupina mtDNA K (a její subklady)

Geografická koncentrace: Evropa.

Jedna ze vzácnějších haploskupin vyskytujících se v Evropě. Podskupiny K1a1b1a, K1a9 a K2a2a se často vyskytují u aškenázských Židů. Je také běžná u některých populací na Blízkém východě, zejména u Kurdů, což naznačuje indoevropský původ v určité fázi.

Haploskupina mtDNA L (a její subklady)

Geografická koncentrace: subsaharská Afrika.

Jedinečný subsaharský haplotyp mtDNA, jehož subklady L0–L6 dominují na tomto kontinentu. Vyskytuje se v malém množství ve střední západní Asii a Evropě, kde pochází z raného smíšení, a v Americe v důsledku éry transatlantického obchodu s otroky.

Haploskupina mtDNA M (a její subklady)

Geografická koncentrace: východní a střední Asie.

Haploskupina mtDNA M a její subklady jsou nejčastější haploskupinou v Asii a tvoří 60 procent všech ženských linií.

mtDNA Haplogroup N (a její subklady)

Geografická koncentrace: Střední a východní Asie.

Většina subkladů mtDNA N se vyskytuje ve východní Asii, přičemž jejich četnost směrem na západ klesá.

Menší četnosti ostatních subkladů mtDNA N se vyskytují na Arabském poloostrově, na Blízkém východě, v severní Africe a v izolovaných částech jižního Ruska (oblast Kavkazu).

Haploskupina mtDNA O (a její subklady)

Geografická koncentrace: Oceánie (Austrálie).

Tato haploskupina mtDNA je extrémně vzácná, a to i u australských aboriginců, u nichž byla zjištěna pouze u nepatrného počtu jedinců.

Haploskupina mtDNA P (a její subklady)

Geografická koncentrace: Oceánie.

Nejvyšší frekvence u australských aboriginců, dále na ostrovech severně od Austrálie, včetně Papuy-Nové Guineje a Melanésie.

Haploskupina mtDNA Q (a její subklady)

Geografická koncentrace: Oceánie.

Nejvyšší frekvence na ostrovech u Austrálie a v jižním Pacifiku.

Vyskytuje se také u australských aboriginců.

Haploskupina mtDNA R: Takzvaná „superskupina“ s významnými a diferencovanými geografickými subklady.

Haploskupina mtDNA R0a (a její subklady)

Koncentrovaná na Arabském poloostrově a v malých frekvencích se vyskytuje na Blízkém východě.

mtDNA haploskupina R1 (a její subklady)

Nízká frekvence hlavně u indických brahmánů (vyšší kasta). Vyskytuje se také u izolovaných kmenů asijského původu v oblasti polárního kruhu.

mtDNA haploskupina R2 (a její subklady)

Koncentrovaná v Pákistánu, Indii a vyskytuje se v nízké frekvenci v Íránu, Gruzii a Turecku.

Haploskupina mtDNA R3

Soustředěna v Arménii.

Haploskupiny R5, R6, R7, R8, R30 a R31 mtDNA (a její subklady)

V Indii se vyskytují velmi často.

Haploskupina mtDNA R9 (a její subklady)

Vyskytuje se v Indonésii, Indočíně a Malajsii (pouze u domorodých Malajců).

Haploskupina mtDNA R11 (a její subklady)

Nejvyšší četnost v Číně. Podskupiny se vyskytují v nižší četnosti v Japonsku, Koreji a Indočíně.

Haploskupiny R12, R14, R22, R23 mtDNA

Nejvyšší výskyt u australských aborigincŭ, v subkladách ve východní Asii a zejména v Polynésii.

Haploskupina R21 mtDNA

Vyskytuje se zejména u negroidního („negrito“) obyvatelstva Malajsie.

Haploskupina mtDNA S (a její subklady)

Geografická koncentrace: Oceánie.

Vyskytuje se u australských aborigincŭ.

Haploskupina mtDNA T (a její subklady)

Geografická koncentrace: Evropa.

Nejvyšší frekvence ve střední Evropě.

Vyskytuje se také na Blízkém východě, zejména v oblasti mezi Černým a Kaspickým mořem, pravděpodobně již od indoevropské éry.

Haploskupina mtDNA U: Takzvaná „super skupina“ s významnými a diferencovanými subkladami.

Haploskupina mtDNA U1 (a její subklady)

Nízká frekvence ve východní Evropě. Vyskytuje se také ve Střední Asii a Indii.

Haploskupina mtDNA U5 (a její subklady)

Koncentrována hlavně v předindoevropské populaci Evropy.

Haploskupina mtDNA U4

Vyskytuje se v Evropě ve velmi nízké frekvenci a je omezena na populace za polárním kruhem asijského původu, jako jsou Saamové (dříve nazývaní „Laponci“).

Haploskupina mtDNA U8

Nejčastější u baskického obyvatelstva, což naznačuje, že se jedná o starodávný evropský haplotyp, který předchází indoevropské éře.

Haploskupina mtDNA U6 (a její subklady)

Pravděpodobně pozůstatek historických migrací do této oblasti z Evropy nebo blízkého Blízkého východu.

Haploskupina mtDNA U3

Vyskytuje se u Berberů v severní Africe a v Egyptě.

Haploskupina mtDNA U6 (a její subklady)

Soustředěna v Indii.

Haploskupina mtDNA U9

Omezená frekvence v Pákistánu. Vyskytuje se také v omezené míře ve východní Africe, přičemž tyto dva výskyty mohou souviset s obdobím muslimského obchodu s otroky.

Haploskupina mtDNA U7

Nejvyšší koncentrace mezi Saúdskými Araby. Vyskytuje se také na Blízkém východě a v některých částech Indie.

Haploskupina mtDNA V

Geografická koncentrace: polární kruh (asijský původ, severní Evropa, Saamové).

Haploskupina mtDNA V je asijského (sibiřského) původu a vyskytuje se ve vysoké míře u Saamů (dříve nazývaných „Laponci“) na dalekém severu Evropy. Vyskytuje se také v nižší frekvenci v severozápadní Africe. Ačkoli je široce považována za „evropskou“ haploskupinu, v evropských rasových skupinách téměř zcela chybí.

Haploskupina mtDNA W

Geografická koncentrace: Střední Asie.

Nejvyšší koncentrace se vyskytuje v severním Pákistánu. Vyskytuje se také v západní Asii, na

Blízkém východě a v Evropě, což pravděpodobně naznačuje souvislost s přesuny indoevropských kmenů touto oblastí.

Haploskupina mtDNA X

Geografická koncentrace: Amerika.

Vyskytuje se u 13 procent Amerindů. Vyskytuje se také na Blízkém východě, jihovýchodním Balkáně a v nízké frekvenci v subkladách v Evropě, severní Africe, na Arabském poloostrově a v západní Asii.

Do Ameriky se pravděpodobně dostala v době osídlování tohoto kontinentu asijskými kmeny, z nichž se stali američtí indiáni.

Haploskupina mtDNA Y

Geografická koncentrace: východní Asie.

Vyskytuje se ve vysoké frekvenci u populace asijského původu na severovýchodě Ruska, blízko mořské hranice s Aljaškou. Subklady se vyskytují v izolovaných částech Indonésie.

Haploskupina mtDNA Z

Geografická koncentrace: východní Asie.

Vyskytuje se v nejvyšší koncentraci u lidí asijského původu žijících za polárním kruhem ve středním severním Rusku.

**Haploskupiny mtDNA rozdělují lidstvo do sedmi hlavních geografických kategorií**

Z tohoto seznamu si čtenář jistě všiml – stejně jako v případě Y chromozomů –, že existuje sedm hlavních geografických oblastí pro haploskupiny mtDNA.

1. Afrika (subsaharská): I, L, U3 a U6.

2. Východní Asie: B, C, D, E, F, G, R11, Y a Z.

3. Střední Asie: M, R1–R9, R30, R31, U6, U9, V a W.

4. Blízký východ: J, N, R0a a U7

5. Oceánie: O, P, Q, R12, R14, R21, R22, R23 a S.

6. Evropa: H, K, T, U1, U5 a U8.

7. Amerika: A, B, C, D a X.

Důkazy získané jak z haploskupin Y chromozomu, tak z haploskupin mtDNA jsou jednoznačné: obě naznačují, že na Zemi existuje sedm hlavních geografických regionů, které byly tradičně obývány skupinami lidí sdílejícími společné haplotypové dědictví.

V grafické podobě jsou tyto haploskupiny mtDNA znázorněny na mapě níže.

**Příčiny smíšení haploskupin**

V průběhu dějin – od starověku až po současnost – docházelo k určité míře míšení, což vedlo k přenosu některých z těchto haplotypů do jiných regionů.

To vysvětluje zejména širší rozšíření haploskupin mtDNA.

Prokázané historické migrace – na rozdíl od těch, o nichž se stále diskutuje, jako je „teorie jediného původu“ versus „teorie multiregionálního původu“ lidstva – také sehrály roli v šíření haplotypů Y a mtDNA.

Například šíření mluvčích indoevropských jazyků ze stepí (a oblasti kolem Černého moře) kolem roku 5 000 př. n. l. ovlivnilo oblast sahající od dnešního Pákistánu po Irsko a od Skandinávie po Egypt.

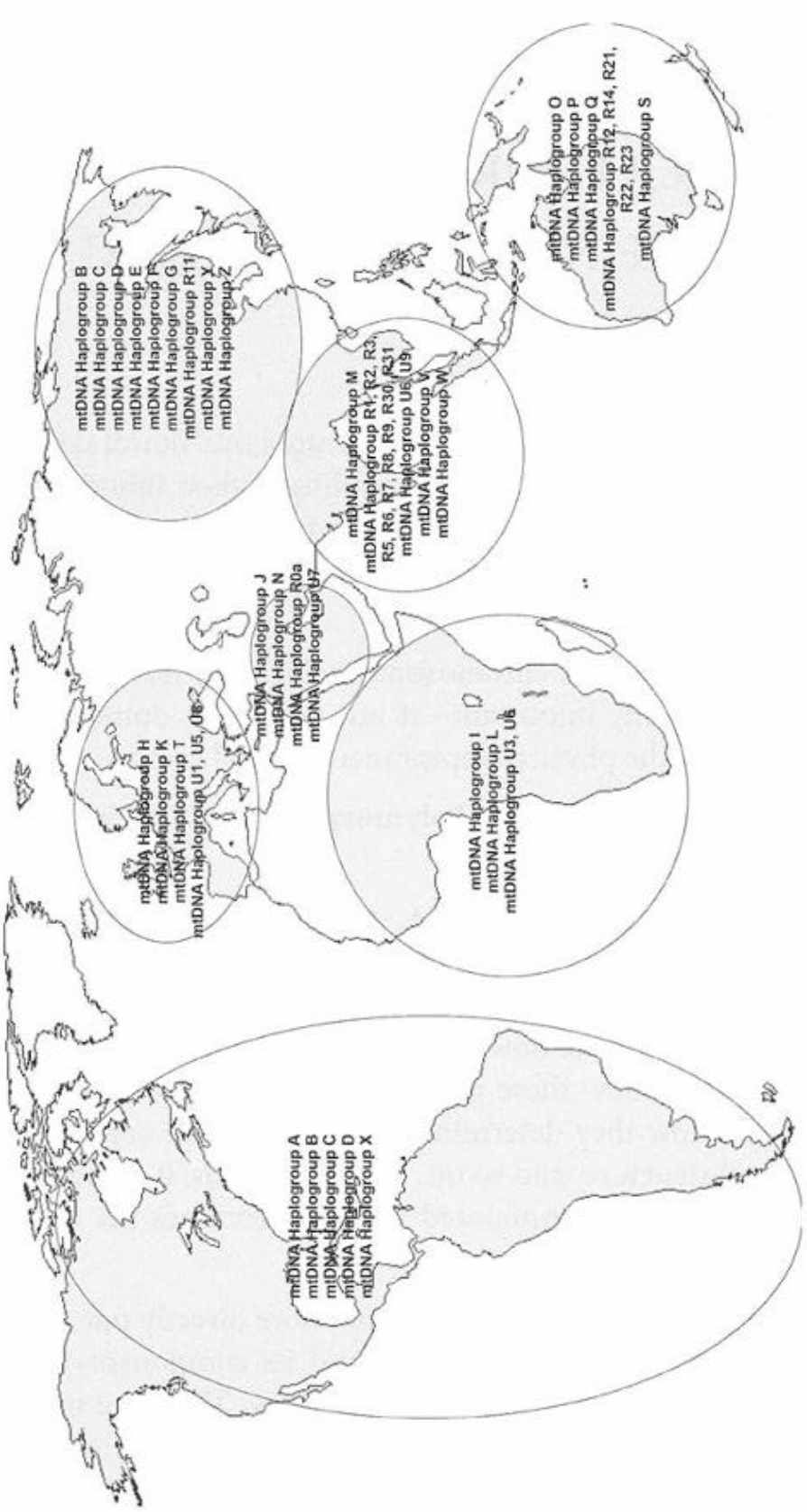
Poté opakované invaze do Evropy ze strany Hunů a dalších asijských kmenů, následované muslimskou expanzí ze Saúdské Arábie na Blízký východ, do severní Afriky a nakonec do Evropy (na západě do Španělska, Portugalska a jižní Francie; a na východě na Balkán až k Vídni), měly rovněž jasný dopad na rozložení typů haploskupin.

Koloniální éra, během níž se Evropané rozšířili po celé Zemi a osídlili nové oblasti, s sebou přinesla také masovou migraci haploskupin (převážně evropských) do Ameriky, Oceánie a dalších částí světa.

Navzdory všem těmto historickým procesům zůstávají genetické linie jasně rozlišitelné. Je to vlastně zásluha současné vědy, že i přes všechny zvraty dějin je stále možné identifikovat konkrétní haploskupiny a oblasti, z nichž pocházejí.

To vše opět dokazuje, že rasa není „sociálním konstruktem“, ale má pevný základ v biologii. Tyto biologické důkazy jasně ukazují, že existuje sedm hlavních skupin lidí, neboli sedm hlavních ras.

S tímto pevně stanoveným faktem zbývá jen zjistit, jak DNA fyzicky utváří tyto různé rasy, aby byly jejich rozdíly viditelné pouhým okem.




*Hlavní haploskupiny mtDNA, jak se vyskytují po celém světě v místech svého původu. Každá z hlavních haploskupin se dělí na*

*několik podskupin, tzv. „subkladů“, jejichž počet je příliš velký na to, aby je bylo možné na této mapě vyznačit.*

# Rasa definovaná autosomální DNA

V předchozí kapitole jsme si ukázali, jak je možné klasifikovat jednotlivce podle jejich zděděných haplotypů chromozomů Y a mtDNA. To je však pouze jedna část procesu, v němž DNA utváří sedm hlavních ras světa.

Autosomální DNA, tedy chromozomy, které nejsou vázány na pohlaví, hrají při utváření fyzického vzhledu rasových skupin stejně důležitou – ne-li dokonce rozhodující – roli.

## Úloha jednonukleotidových polymorfismů (SNP) při utváření rasových rozdílů

Důvodem je to, že autosomální DNA, konkrétně její složky v podobě jednonukleotidových polymorfismů (SNP) (včetně exonů a intronů)[11], „kóduje“ či vytváří jedinečné proteinové řetězce, které následně určují, jak se geny „projevují“. Pod pojmem „projevují“ se rozumí to, jak se tyto geny projevují v lidském těle: jak určují například barvu očí, barvu vlasů, strukturu kostry atd. Jinými slovy, je to způsob, jakým jsou SNP konfigurovány, který určuje funkce různých genů.

Právě rozdíly v těchto genech – nebo, řečeno přesněji, rozdíly ve způsobu, jakým jsou SNP (a jejich složky) uspořádány – způsobují rasové charakteristiky. Existuje mnoho genetických studií, které přesvědčivě určily roli SNP při určování rasy, ale snad nejvýznamnější z nich byla dosud vypracována mezinárodním týmem vědců v roce 2010.

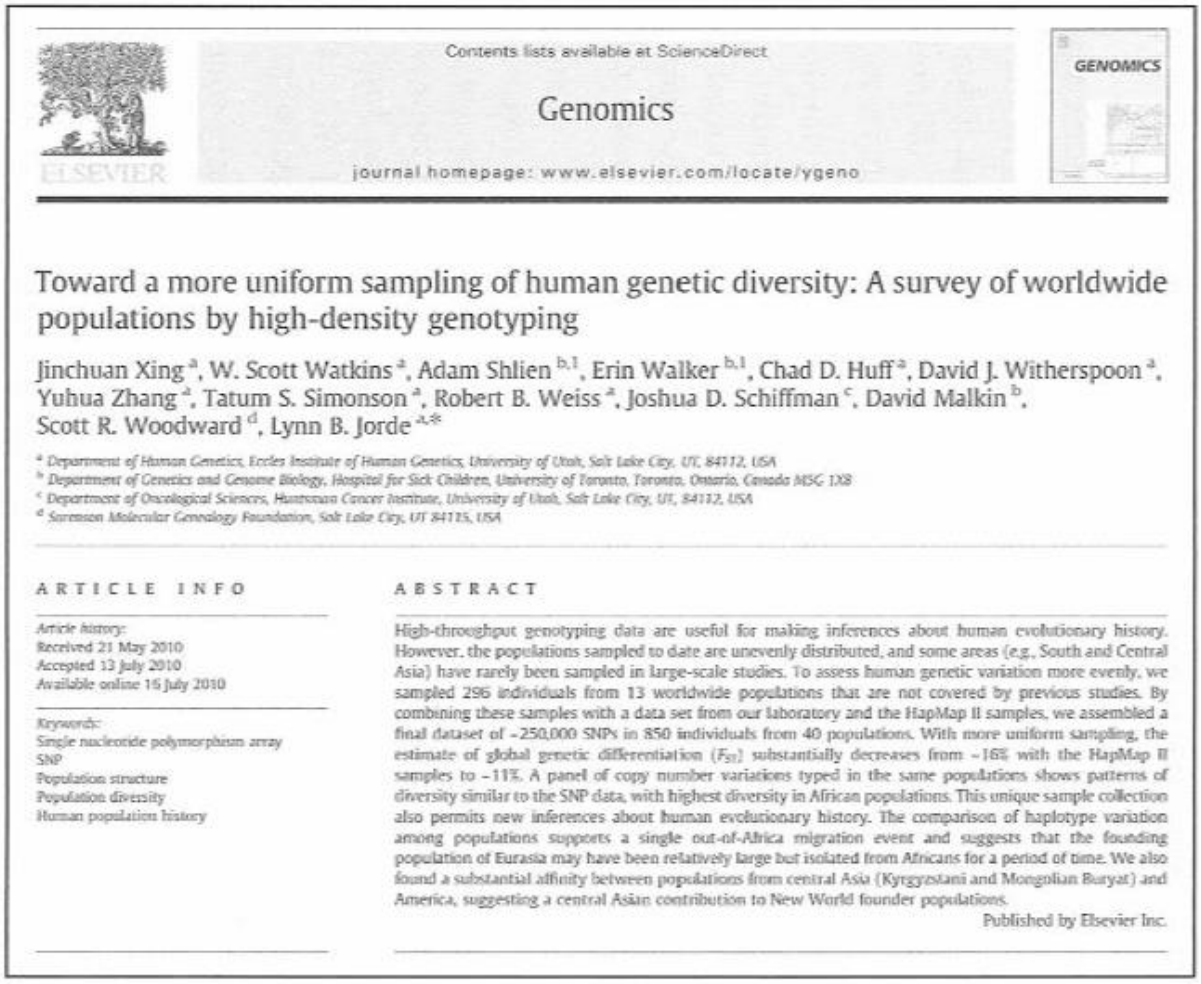
[11] Přehled této struktury najdete v druhé kapitole.

Tato studie s názvem „Směrem k jednotnějšímu vzorkování lidské genetické rozmanitosti: Průzkum světových populací pomocí genotypizace s vysokou hustotou“[12] byla vypracována společnými silami deseti vědců z Univerzity v Utahu, jednoho vědce z Molecular Genealogy Foundation v Utahu a tří vědců z Univerzity v Torontu v Kanadě.

Studie, publikovaná v časopise Genomics (svazek 96, číslo 4, říjen 2010, strany 199–210), provedla vlastní odběr vzorků DNA od 13 světových populací, „které nebyly zahrnuty v předchozích studiích“, a poté je spojila s již zavedenými a ověřenými světovými vzorky sestávajícími z nejméně 250 000 SNP od 40 populací rozprostřených po celém světě na všech kontinentech.[13]

Samotný rozsah studie z ní činí jeden z nejdůležitějších přehledů tohoto druhu, které byly dosud provedeny, a to nejen pro určení původu, ale také, jak uvádí článek, pro hodnocení „genetické variability odpovědné za nemoci“, pro kterou věda „poskytuje základ pro důležité biomedicínské studie“.[14]

[12] „Toward a more uniform sampling of human genetic diversity; A survey of worldwide populations by high-density genotyping“, Xing, J. a kol., Genomics 96 (2010), str. 199–210.
[13] Tamtéž.
[14] Tamtéž, s. 199.



Contents lists available at ScienceDirect

Genomics

journal homepage: www.elsevier.com/locate/ygeno

GENOMICS

Toward a more uniform sampling of human genetic diversity: A survey of worldwide populations by high-density genotyping

Jinchuan Xing [a], W. Scott Watkins [a], Adam Shlien [b,1], Erin Walker [b,1], Chad D. Huff [a], David J. Witherspoon [a], Yuhua Zhang [a], Tatum S. Simonson [a], Robert B. Weiss [a], Joshua D. Schiffman [c], David Malkin [b], Scott R. Woodward [d], Lynn B. Jorde [a,*]

[a] Department of Human Genetics, Eccles Institute of Human Genetics, University of Utah, Salt Lake City, UT, 84112, USA
[b] Department of Genetics and Genome Biology, Hospital for Sick Children, University of Toronto, Toronto, Ontario, Canada M5G 1X8
[c] Department of Oncological Sciences, Huntsman Cancer Institute, University of Utah, Salt Lake City, UT, 84132, USA
[d] Sorenson Molecular Genealogy Foundation, Salt Lake City, UT 84115, USA

ARTICLE INFO

Article history:
Received 21 May 2010
Accepted 13 July 2010
Available online 16 July 2010

Keywords:
Single nucleotide polymorphism array
SNP
Population structure
Population diversity
Human population history

ABSTRACT

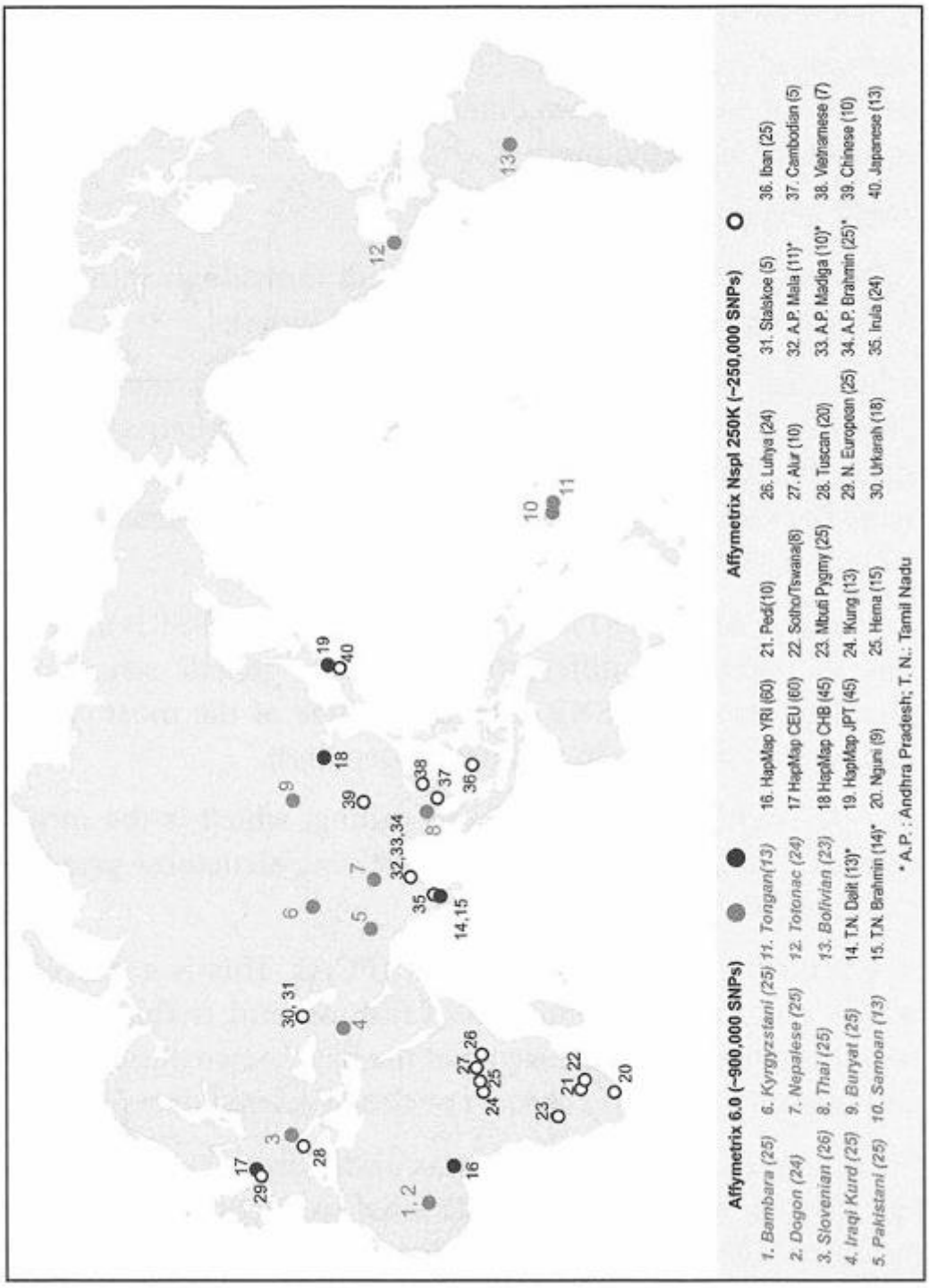
High-throughput genotyping data are useful for making inferences about human evolutionary history. However, the populations sampled to date are unevenly distributed, and some areas (e.g., South and Central Asia) have rarely been sampled in large-scale studies. To assess human genetic variation more evenly, we sampled 296 individuals from 13 worldwide populations that are not covered by previous studies. By combining these samples with a data set from our laboratory and the HapMap II samples, we assembled a final dataset of ~250,000 SNPs in 850 individuals from 40 populations. With more uniform sampling, the estimate of global genetic differentiation ($F_{ST}$) substantially decreases from ~16% with the HapMap II samples to ~11%. A panel of copy number variations typed in the same populations shows patterns of diversity similar to the SNP data, with highest diversity in African populations. This unique sample collection also permits new inferences about human evolutionary history. The comparison of haplotype variation among populations supports a single out-of-Africa migration event and suggests that the founding population of Eurasia may have been relatively large but isolated from Africans for a period of time. We also found a substantial affinity between populations from central Asia (Kyrgyzstani and Mongolian Buryat) and America, suggesting a central Asian contribution to New World founder populations.

Published by Elsevier Inc.

Vědci využili takzvanou „technologii Affymetrix Microarray“, což je složitý chemický proces, který v rámci jediného experimentu umožňuje nahlédnout do „expresního profilu“ (tj. do toho, jak se SNP projevují) doslova tisíců genů.

Získané vzorky byly poté vzájemně porovnány, aby se zjistily podobnosti či rozdíly mezi jednotlivými SNP. Pomocí této technologie je možné zmapovat, jak blízko – nebo jak daleko – jsou od sebe SNP z hlediska jejich vrozeného složení. Pro účely své studie vědci analyzovali SNP z populací z následujících 40 regionů, přičemž ve všech případech dbali na to, aby vzorky pocházely pouze od „domorodých“ nebo

„původních“ obyvatel. Rozsáhlý charakter vzorků dokládá následující mapa a její legenda:



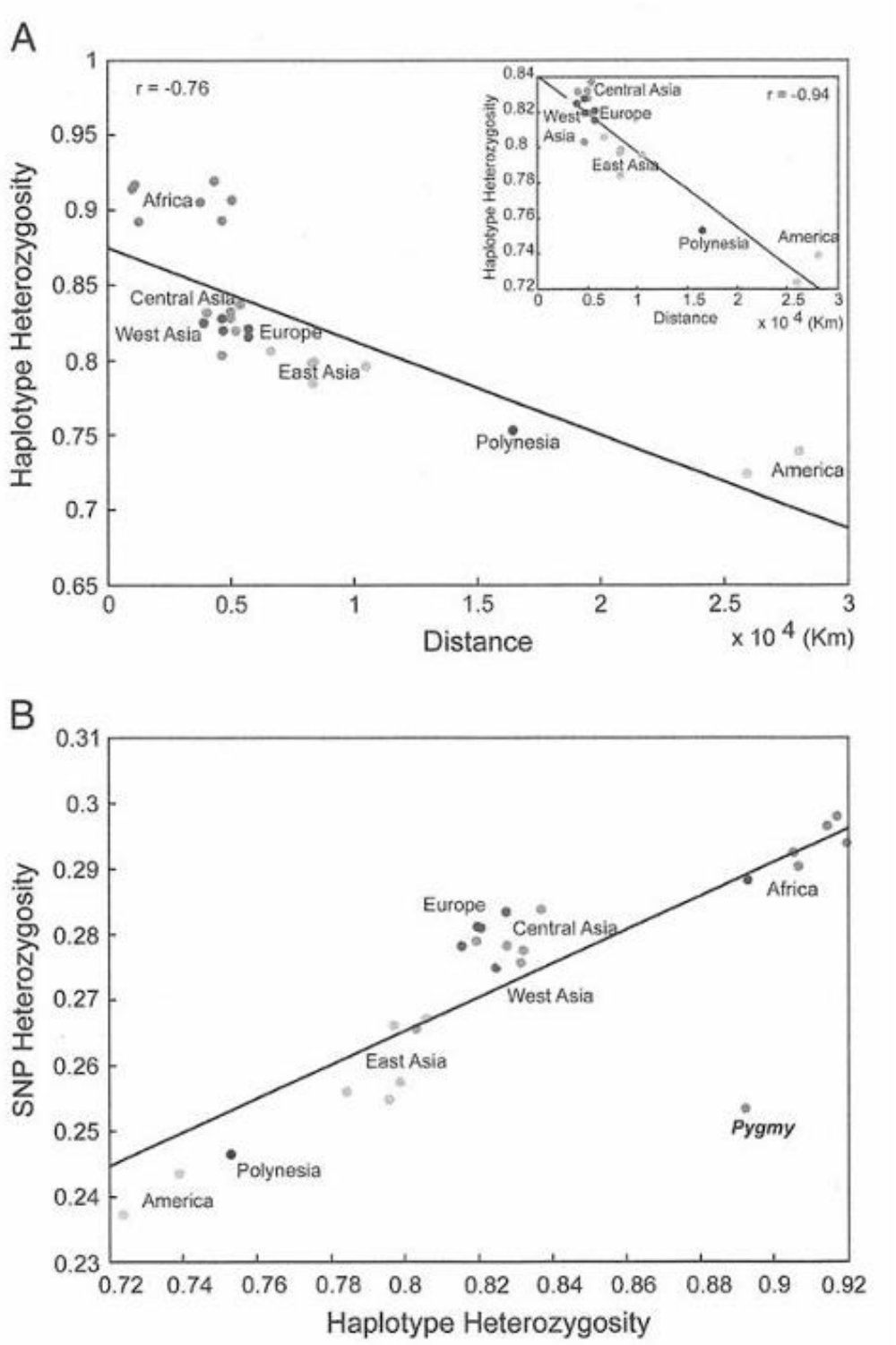
To znamenalo, že vzorky byly odebrány z 13 populací z celého světa, konkrétně ze západní Afriky, střední Evropy, západní Asie, střední Asie, jižní Asie, jihovýchodní Asie, Polynésie a Ameriky (čtenář si jistě všimne, že chybí vzorky z Austrálie).

Takto získaná surová data byla následně podrobena řadě složitých analytických procesů. Mezi tyto procesy patřily:

- pokročilé srovnání heterozygotnosti SNP a haplotypů (skutečnost, že jedinec nese dvě různé alely určitého genu nebo genů);
- genotypizace SNP;
- výběr SNP a rozdělení všech jedinců do čtyř hlavních skupin (Afrika, Asie, Evropa a Indie);
- testování každého SNP na odchylky od Hardyho-Weinbergova rovnováhy (princip populační genetiky, který uvádí, že „frekvence genotypů v populaci zůstávají mezi generacemi konstantní, pokud nedochází k narušení vnějšími faktory“);
- Následně byl vygenerován index fixace (FST). FST je míra populační diferenciace způsobená genetickou strukturou, vypočítaná z dat SNP, a je jednou z nejčastěji používaných statistik v populační genetice;
- Identifikace variant počtu kopií (CNV), což je nejběžnější vědecká metoda identifikace strukturálních genetických variací; a
- Analýza hlavních komponent (PCA). Jedná se o proces, který analyzuje velké množství znaků a umožňuje jejich vizualizaci v grafu, aby bylo možné data znázornit ve dvou rozměrech a vizuálně identifikovat shluky úzce souvisejících datových bodů.

Nakonec byla provedena analýza smíšených populací „s cílem určit genetický původ každého jedince v daném počtu populací bez využití informací o označení těchto populací“.[15]

[15] Tamtéž, s. 202.



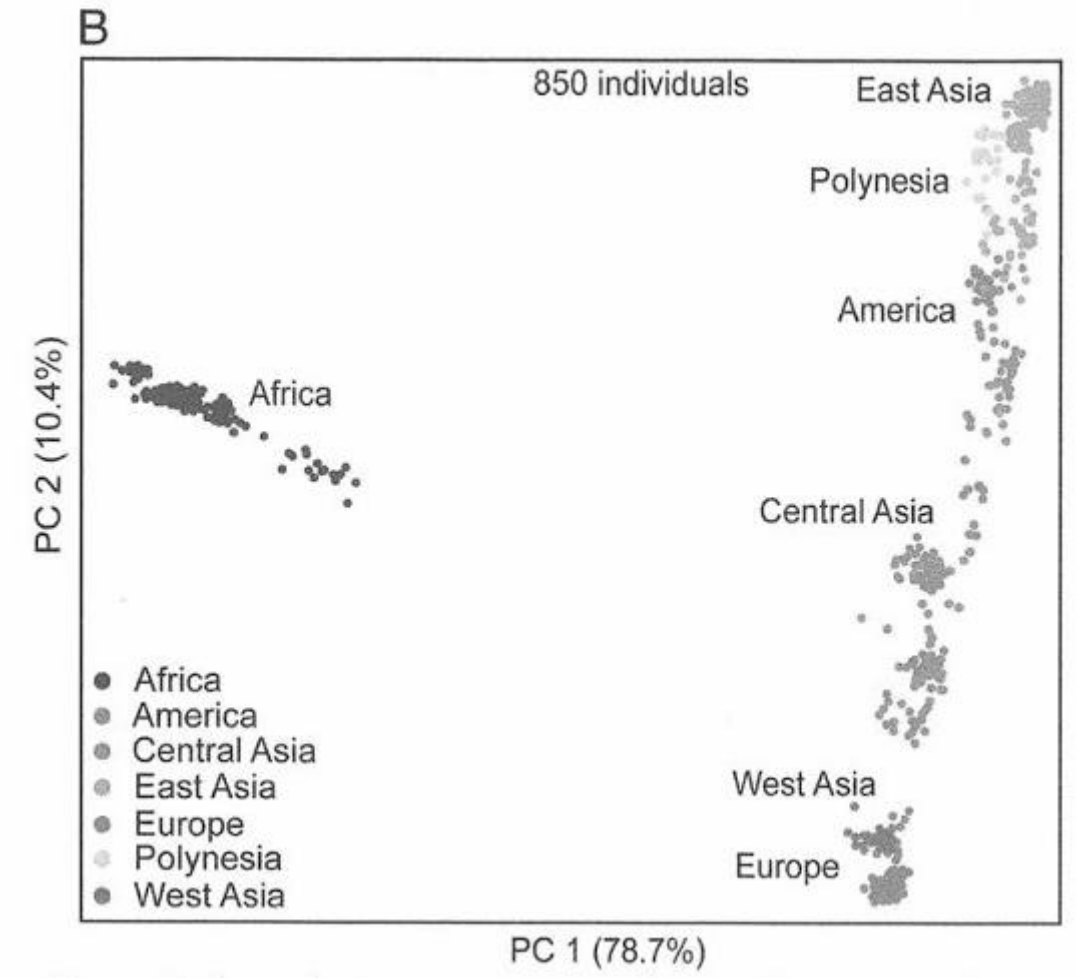

*Obrázek 2 z článku v časopise Genomics s názvem „Toward a more uniform sampling of human genetic diversity: A survey of worldwide populations by high-density genotyping“ (2010). Graf A s názvem „Rozmanitost SNP“ znázorňuje „rozmanitost haplotypů SNP v závislosti na geografické vzdálenosti od*

*východní Afriky“. Korelace se podstatně zlepšila, když byly africké populace vyloučeny (jak je vidět v pravém horním panelu). Graf B ukazuje „rozmanitost SNP haplotypů versus SNP heterozygotnost!“*

## Analýza SNP rozděluje světovou populaci do sedmi odlišných kategorií

Výsledky, znázorněné ve schematické podobě, byly dramatické. Jak ukazuje obrázek 2 studie (na předchozí stránce), genetická vzdálenost mezi vzorky byla značná a zřejmá.

Nejvýraznější znázornění však přináší obrázek 3b studie, který představuje analýzu hlavních komponent (PCA) provedenou na celém souboru dat.




*Obrázek 3b z článku v časopise Genomics s názvem „Toward a more uniform sampling of human genetic diversity: A survey of worldwide populations by high-density genotyping“ (2010). S názvem „Analýza hlavních komponent. Jsou zobrazeny první dvě hlavní komponenty (PC). Každý jedinec je znázorněn jednou tečkou a popiskem odpovídajícím jeho regionálnímu původu. Na ose je uvedeno procento rozptylu vysvětleného každou hlavní komponentou.“*

Tato analýza ukázala, že vzorkové skupiny, reprezentované svými SNP v autosomálních datech, se od sebe lišily stejně výrazně jako jejich geografické vzdálenosti a daly

se snadno rozdělit do běžných skupin, které se od sebe navzájem výrazně odlišovaly.[16]

Studie dále popsala tyto skupiny jako „Afriku, Ameriku, Střední Asii, Evropu, Polynésii a Západní Asii“. Je zřejmé, že se toto rozdělení téměř shoduje s rozdělením podle haploskupin Y a mtDNA, s drobnou výjimkou, že v globální analýze SNP chybí některé datové soubory (například australští aboriginci a vzorky z Arabského poloostrova), a proto nejsou v konečném shrnutí zahrnuty.

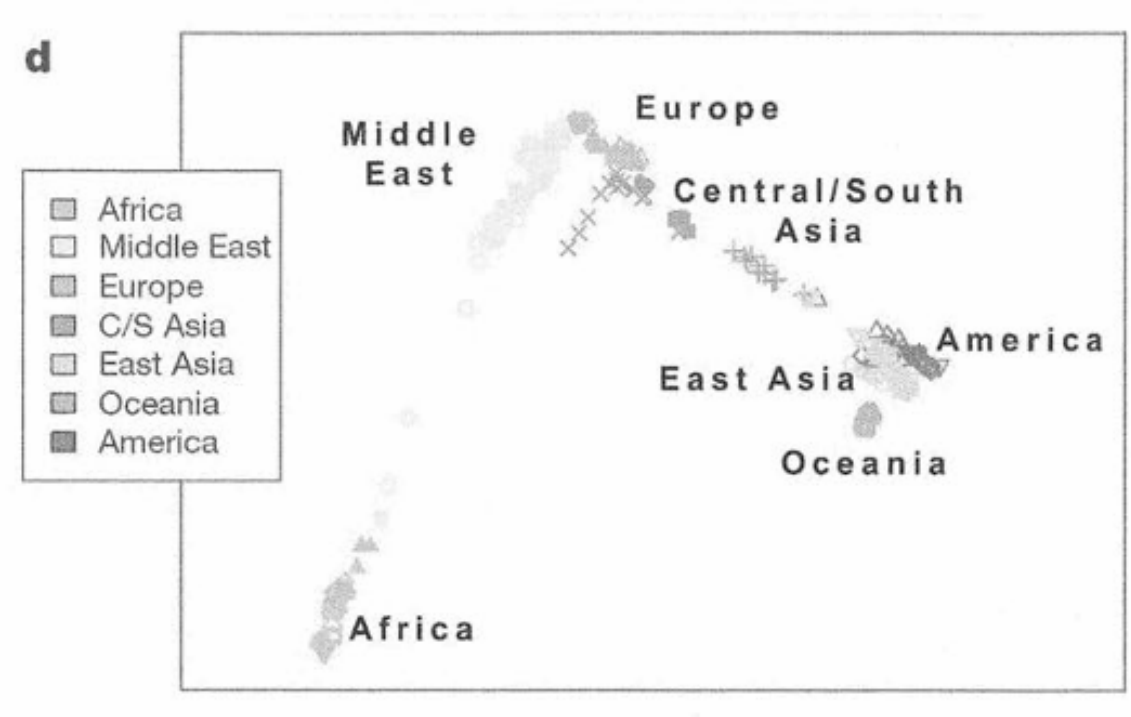
Chybějící data o australských a borigincích byla zahrnuta do jiné, podobné studie, publikované v časopise Nature. Tento článek s názvem „Genotyp, haplotyp a variace počtu kopií v lidských populacích po celém světě“[17] poskytl analýzu „vysoce kvalitních genotypů u 525 910 jednonukleotidových

[16] Velký rozdíl mezi africkým vzorkem a ostatními lidskými typy, jak je tak názorně znázorněno na obrázku 3b výše, byl předmětem mnoha diskusí. Nejpravděpodobnějším důvodem obrovské propasti mezi africkými vzorky SNP a ostatními rasami je existence takzvané „duchové DNA“ (ghost DNA) u Afričanů. Toto africké „duchové DNA“ bylo poprvé přivedeno do pozornosti vědeckého světa v roce 2020, kdy článek publikovaný v časopise Science Advances („Recovering signals of ghost archaic introgression in African populations,“ Durvasula, A., et al., Science Advances, 12. února 2020, sv. 6, č. 7) oznámil, že přibližně 19 procent DNA sekvencí v západní Africe nepochází od žádné známé lidské skupiny. Jeden z autorů článku v rozhovoru pro National Public Radio (NPR) uvedl, že si myslí, že „pochází od dosud neobjevené skupiny... Nemáme jasnou identitu této archaické skupiny. Proto používáme termín ‚duch‘. Nezdá se, že by byla zvlášť blízce příbuzná skupinám, od nichž máme genomové sekvence“ („‚Ghost' DNA In West Africans Complicates Story of Human Origins“, NPR, 12. února 2020).

[17] „Genotype, haplotype, and copy number variation in worldwide human populations“, Jakobsson, M. a kol., Nature, 21. února 2008; 451(7181); str. 998–1003.

polymorfismů (SNP) a 396 lokusů s variabilním počtem kopií ve vzorku 29 populací z celého světa.“[18]

Analýza ukázala, že vzorky SNP australských aboriginců jednoznačně zařadily tuto rasu do kategorie „Oceánie“, čímž se opět potvrdil genetický základ sedmi hlavních rasových skupin na Zemi.

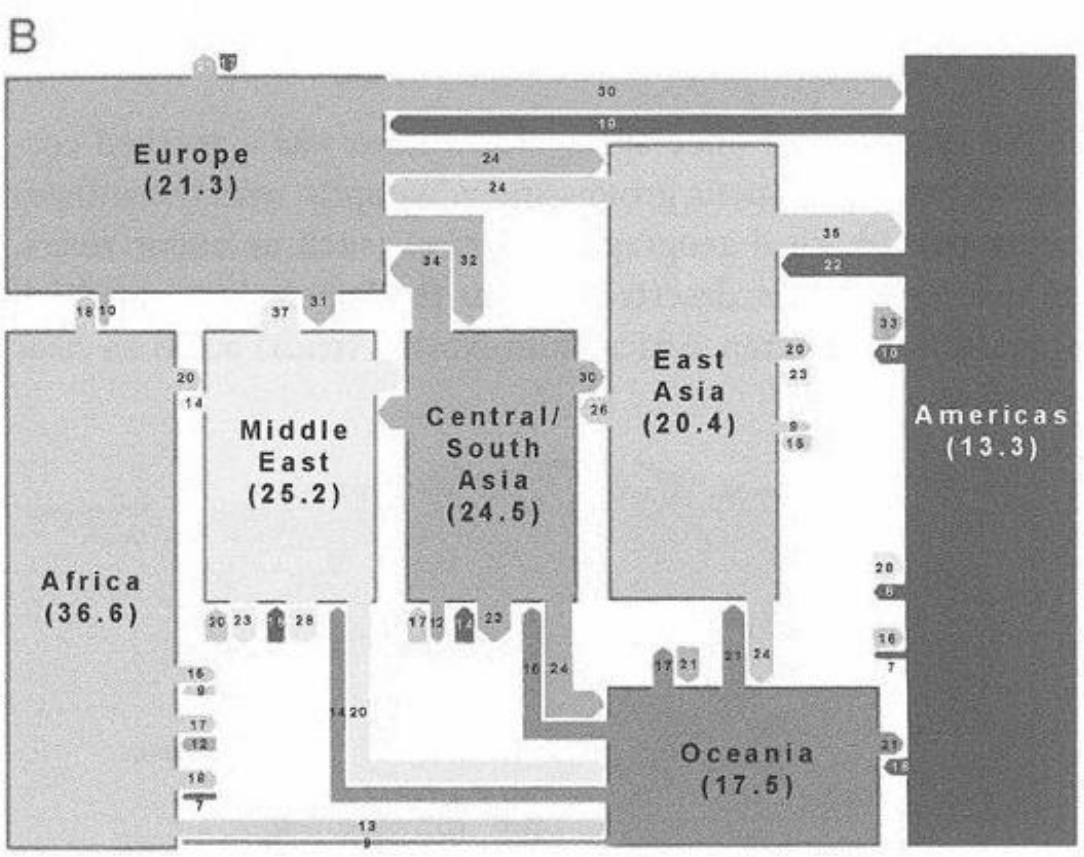



*Obrázek 1d z článku v časopise Nature s názvem „Genotype, haplotype, and copy-number variation in worldwide human populations“ (2008), který zahrnoval datové soubory australských aboriginců v rámci analýzy autosomálních SNP. Tento graf vytvořený metodou multidimenzionálního škálování (MDS) znázorňuje varianty SNP, haplotypů a počtu kopií (CNV) napříč sedmi hlavními rasovými kategoriemi.*

[18] Tamtéž, s. 998.

Další vědecká studie s názvem „Haplotypová variabilita a imputace genotypů v afrických populacích“[19], publikovaná v časopise Genetic Epidemiology (2011), která se zaměřila na určení genetické skladby afrického kontinentu, obsahovala graf, jehož účelem bylo znázornit vzájemné genové toky mezi Afrikou a ostatními částmi světa.

Na základě samotné analýzy SNP dospěli autoři této studie rovněž k závěru, že na Zemi existuje sedm hlavních ras, a tento poznatek znázornili v následujícím přehledném schématu:




*Obrázek 1B z článku „Haplotype variation and genotype imputation in African populations“, Genetic Epidemiology*

[19] „Haplotype variation and genotype imputation in African populations“, Huang, L. a kol., Genetic Epidemiology, ročník 35, číslo 8, prosinec 2011, strany 766–780.

*(2011). S titulkem „Schéma světové mapy haplotypové variability“ na základě předchozí analýzy SNP graficky znázorňuje, jak analýza SNP rozděluje světovou populaci do sedmi regionů, z nichž každý odpovídá určitému fyzickému typu, neboli „rase“.*

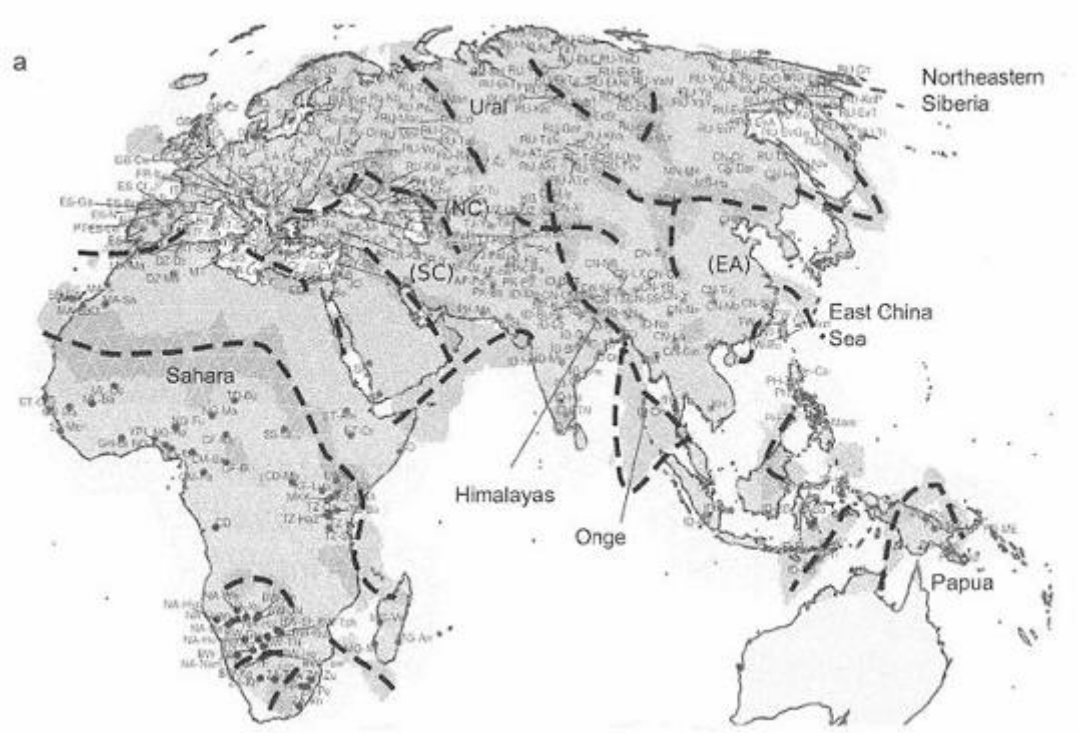
## Analýza SNP spojuje geografii s rasovým rozlišením

Studie z roku 2020, publikovaná v časopise Molecular Biology and Evolution[20], využila nový nástroj známý jako „Estimated Effective Migration Surfaces“ (EEMS) – který byl navržen k vizualizaci vztahu genů k geografii – k zmapování „geografických vzorců v genetické rozmanitosti člověka“.

Autoři článku aplikovali systém EEMS a analýzu hlavních komponent (PCA) na soubor dat SNP získaných z 27 různých zdrojů, zahrnující tisíce jedinců z 419 lokalit v Eurasii a Africe.

Výsledky byly opět jasné; existovala výrazná korelace mezi genetickými skupinami a geografií, přičemž autoři poznamenali, že fyzické geografické bariéry (jako jsou velké řeky, mořské prostory nebo velké pouště – například saharská poušť, která odděluje subsaharskou Afriku od severní Afriky) fungovaly jako jasné demarkační linie.

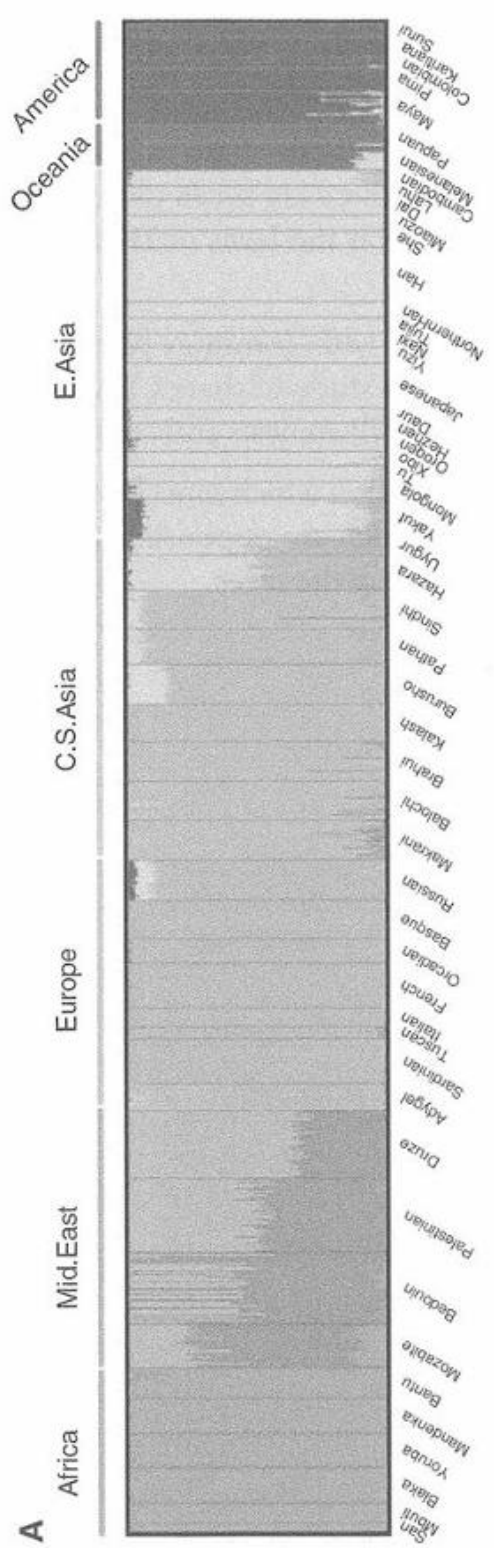
[20] „Genetic Landscapes Reveal How Human Genetic Diversity Aligns with Geography“, Peter, B. M. a kol. Molecular Biology and Evolution, 1. dubna 2020; 37(4); str. 943–951.




*Z doplňkových údajů, obrázek 2a, z článku „Genetic Landscapes Reveal How Human Genetic Diversity Aligns with Geography“, Molecular Biology and Evolution (2020). Mapa Afriky a Eurasie znázorňuje souvislost mezi genetickými skupinami a geografií.*

Další studie, publikovaná v časopise Science[21], využila v rámci svého populačního přehledu soubor dat obsahující 650 000 SNP z 51 populací. Závěry byly opět jednoznačné: „Individuální původ a populační substruktura byly zjistitelné s velmi vysokým rozlišením... Navíc jsme pozorovali vzorec rozložení frekvencí alel předků, který odráží rozdíly v populační dynamice mezi jednotlivými geografickými regiony.“

[21] „Worldwide Human Relationships Inferred from Genome-Wide Patterns of Variation“, Jun. Z. Li a kol., Science, 22. února 2008, sv. 319, č. 5866, str. 1100–1104.




*Obrázek 1 z článku „Worldwide Human Relationships Inferred from Genome-Wide Patterns of Variation“, Science (2008), s názvem „Dendrogram individuálního původu a populací“. Na*

*základě analýzy SNP tento graf jasně rozděluje lidstvo do sedmi odlišných kategorií: Afrika, Blízký východ, Evropa, Střední a Jižní Asie, Východní Asie, Oceánie a Amerika. Původní popisek zněl: „Každý jedinec je znázorněn svislou čarou rozdělenou na segmenty, jejichž délky odpovídají koeficientům jeho předků v až sedmi odvozených skupinách předků. Popisky populací byly přidány až po odhadnutí předků každého jedince; byly použity k seřazení vzorků při zakreslování.“*

Tyto studie – a řada dalších – jednoznačně potvrdily, že existuje sedm odlišných rasových skupin, které lze identifikovat pouze na základě analýzy DNA.

Rasu – vyjádřenou jako skupinu se společnými fyzickými rysy – lze určit studiem sdílených haploskupin Y a mtDNA v kombinaci s analýzou a srovnáním SNP.

Jedinou zbývající genetickou otázkou, na kterou je třeba odpovědět, je identifikace genů, které jsou zodpovědné za utváření charakteristik tvořících rasy.

## Rasa a rasové rozdíly dané na úrovni genů a SNP

Vzhledem k tomu, že biologický – tedy genetický – základ rasy a rasových kategorií je již pevně prokázán, zbývá nyní pouze ukázat, jak konkrétní geny tyto rasové rozdíly regulují.

Než přejdeme k identifikaci a výčtu samotných genů, je užitečné si stručně zrekapitulovat základní body.

1. Chromozomy určující pohlaví (Y a mtDNA) slouží jako geografické a rasové rozlišovací prvky „rodokmenu“;

2. Autosomální chromozomy DNA (a konkrétně geny a jejich menší složky, jako jsou SNP, exony a introny) rovněž jasně vykazují specifické geografické a rasové souvislosti, které umožňují jednoznačnou identifikaci sedmi hlavních ras světa; a

3. Rasu lze proto definovat jako příbuznou skupinu lidí, jejichž společný fyzický vzhled je určen výhradně genetickými faktory.

### Seznam charakteristických fyzických rasových znaků

Abychom mohli přesně ukázat, jak geny utvářejí rasu, je nejprve nutné sestavit seznam jednoznačných rasových znaků, které jsou charakteristickými rysy jednotlivých rasových kategorií. Tyto rozdíly lze rozdělit na fyzické a psychologické vlastnosti. Stručně řečeno, jedná se o tyto hlavní zjištěné rozdíly mezi rasami:

**Barva kůže.** Jedná se pravděpodobně o nejviditelnější rozdíl, na který se v diskusích o rase odkazuje nejčastěji. Důvodem je zejména zřejmý kontrast mezi Afričany a Evropany, i když barva kůže se liší i mezi samotnými Evropany a také mezi jinými rasami.

**Tvar a struktura lebky.** Jeden z nejvýraznějších rasových rozdílů lze pozorovat ve tvaru lebky. Ten ovlivňuje lebeční kapacitu, tedy velikost mozku, která se rovněž liší podle rasy, a zahrnuje také atributy, jako je šířka nosu, délka, tvar, velikost lícních kostí, rozměry horního a dolního rtu a epikantické záhyby (horního víčka zakrývajícího vnitřní koutky očí – jeden z dominantních rysů u lidí asijského původu).

**Kosterní struktura.** Ta zahrnuje poměr délky paží a nohou k velikosti trupu a následně i výšku.

**Barva očí.** U všech neevropských ras převládá černá nebo téměř černá barva očí. Tento znak se postupně mění směrem k evropskému dalekému severu, kde převažují modré oči.

**Barva vlasů.** Další výrazný rozdíl mezi rasami, který je patrný i pouhým okem. U všech neevropských ras převládá barva vlasů uhlově černá, snad s jedinou výraznou výjimkou australských aboriginců, kteří mají vlasy v různé míře zesvětlené.

**Struktura vlasů.** Evropané a lidé evropského původu (jako například většina Indů z Indie) mají obvykle rovné nebo nanejvýš mírně vlnité vlasy. Tuto vlastnost sdílí také mnoho Asiatů, Semitů (obyvatel Středního východu) a Amerindů. Kromě toho velké množství Afričanů ze subsaharské Afriky a Jihoasijců z tropických oblastí nemá vousy. Tento rys se objevuje také u mnoha Amerindů, Číňanů a Japonců, v závislosti na jejich původu.

**Psychologické rozdíly.** Patří mezi ně sklon k násilí, antisociální chování a dokonce i definované duševní nemoci, jako je schizofrenie.

**Inteligence.** Existují specifické geny, které kódují inteligenci, a tento atribut je také jasně definován rasou. To je příčinou mnoha vymyšlených, politicky motivovaných, ale fakticky nesprávných popírání.

Všechny výše uvedené znaky jsou řízeny konkrétními geny a z pochopitelných důvodů se tyto geny u různých ras „projevují“, čímž jim dodávají jejich charakteristický fyzický vzhled.

Jinými slovy, ačkoli mají všichni lidé 23 párů chromozomů (tedy celkem 46), tato skutečnost sama o sobě neurčuje, ke které rasové skupině jedinec patří.

Rasa je primárně určována fyzickými atributy. Tyto fyzické atributy nejsou určovány celkovou chromozomální strukturou, ale spíše jednotlivými geny, SNP a introny na molekulární úrovni DNA daného jedince.

## Rasa vytvořená prostřednictvím odlišné geografické koncentrace SNP a genů

Právě zde, na úrovni SNP a genů, se tedy rasa utváří a nabývá fyzické podoby. Nejedná se o nepatrné či bezvýznamné rozdíly, jak neustále opakuje lobby popírající existenci ras.

Tyto molekulární, biologicky podmíněné rozdíly vedou k zásadním změnám v rasovém typu, chování a vzhledu.

Jakmile je tento fakt pochopen – a opakuji, jedná se o biologický fakt – pak je jasně vidět naprostá nepravdivost tvrzení, že „všechny rasy jsou z 99 procent stejné“.

Tvrdit, že všichni lidé jsou nerozlišitelní, protože mají stejný počet chromozomů, je podobné jako říkat, že všechna plemena psů „jsou stejná“, protože všechna mají 39 párů

chromozomů (celkem 78), nebo že všechny kočky „jsou stejné“, protože všechny mají 19 párů chromozomů (celkem 38), nebo že všechny krávy „jsou stejné“, protože všechny mají 60 chromozomů.

Jak každý ví, německý ovčák není stejný jako pudl, ani whippet není stejný jako jezevčík, přestože tato plemena mají stejný počet chromozomů. Jsou to zásadní rozdíly na molekulární úrovni, které tato plemena od sebe odlišují – a tento proces je stejný i u lidí.

Dalším běžným omylem – motivovaným snad neznalostí, nebo možná i zlým úmyslem – je využívání osob smíšeného rasového původu k „popírání“ existence jedinečných rasových rozdílů.

Existence smíšených rasových typů, které mohou vykazovat charakteristiky více než jedné rasové skupiny (například modré oči u osoby, která jinak vykazuje jasně neevropskou fyziognomii), „nevyvrací“ existenci různých ras.

Spíše to ukazuje, že rasy existují, i když jen tím, že demonstruje kontrast mezi rodičovskými rasami u smíšeného jedince.

Je ironií, že fyzická dědičnost rasových charakteristik je, navzdory desetiletím popírání ras, jednou z nejznámějších a nejlépe pochopených vlastností dědičnosti.

I lidé, kteří nemají absolutně žádné znalosti o genetice, dědičnosti nebo rase, všichni vědí, že děti vypadají jako jejich rodiče nebo vykazují fyzické rysy, temperament a inteligenci jasně spojené s jejich přímými předky.

Protože jsou tyto zděděné vlastnosti tak dobře známé – a přijímané –, zdá se téměř bizarní, že je musíme „dokazovat“ genetickými testy, ale takový je současný stav popírání ras, že se jedná o úkol, který je nyní vyžadován.

## Geny, které určují rasové rozdíly v barvě kůže, očí a vlasů; struktuře a tvaru vlasů

Barva pleti, očí a vlasů představuje další tři běžná kritéria pro určení rasového původu a často se používají k rozlišení Evropanů nebo osob s různým podílem evropského původu.

Stejně jako všechny fyzické znaky jsou i barva kůže, vlasů a očí určovány přítomností konkrétních genů.

Člověk, který například nevlastní gen pro modré oči, nikdy nebude mít potomky s modrýma očima, i kdyby je měl jeho partner. Jediným případem, kdy může mít člověk smíšeného původu modré oči, je situace, kdy tento gen vlastní oba rodiče, byť se jedná o gen „recesivní".

Barva pleti se utváří stejným způsobem. Velké smíšené populace na světě, jako jsou „Afroameričané" a „Cape Coloureds" (z Jižní Afriky), kteří mají v průměru kolem 25 procent evropského původu[22], vykazují širokou škálu odstínů pleti od velmi světlé až po velmi tmavou – to vše je výsledkem působení recesivních nebo dominantních genů v těchto skupinách. K tomu dochází i v jiných regionech s velkými smíšenými populacemi, jako jsou například Střední a Jižní Amerika.

### Barva kůže: Genetika tvorby melaninu

[22] „Černoši" v Americe mají v průměru 24 procent evropské DNA a mnozí z nich dokonce více (Katarzyna Bryc a kol., „The Genetic Ancestry of African Americans, Latinos, and European Americans across the United States", American Journal of Human Genetics, 8. ledna 2015; 96(1); str. 37–53). V Jižní Africe má populace „Cape Coloureds" podobný podíl evropské krve, a to mezi 21 a 28 procenty („Genome-wide analysis of the structure of the South African Coloured Population in the Western Cape", De Wit, E., et al., Human Genetics, svazek 128, strany 145–153 (2010)).

Mnoho lidí ví, že „melanin“ je látka v lidském těle, která zajišťuje pigmentaci vlasů, očí a kůže. Platí základní pravidlo, že čím více melaninu, tím tmavší jsou oči, vlasy a kůže.

Stejně jako všechny fyzické vlastnosti je i tvorba melaninu výsledkem působení konkrétních genů a SNP. Samotný proces probíhá následovně:

Gen zvaný „MC1R“ (nacházející se na 16q24.3, chromozom 16) poskytuje instrukce pro tvorbu bílkoviny zvané „receptor melanokortinu 1“.

Tento receptor se nachází na povrchu specializovaných buněk zvaných melanocyty. Právě tyto melanocyty produkují pigment melanin.

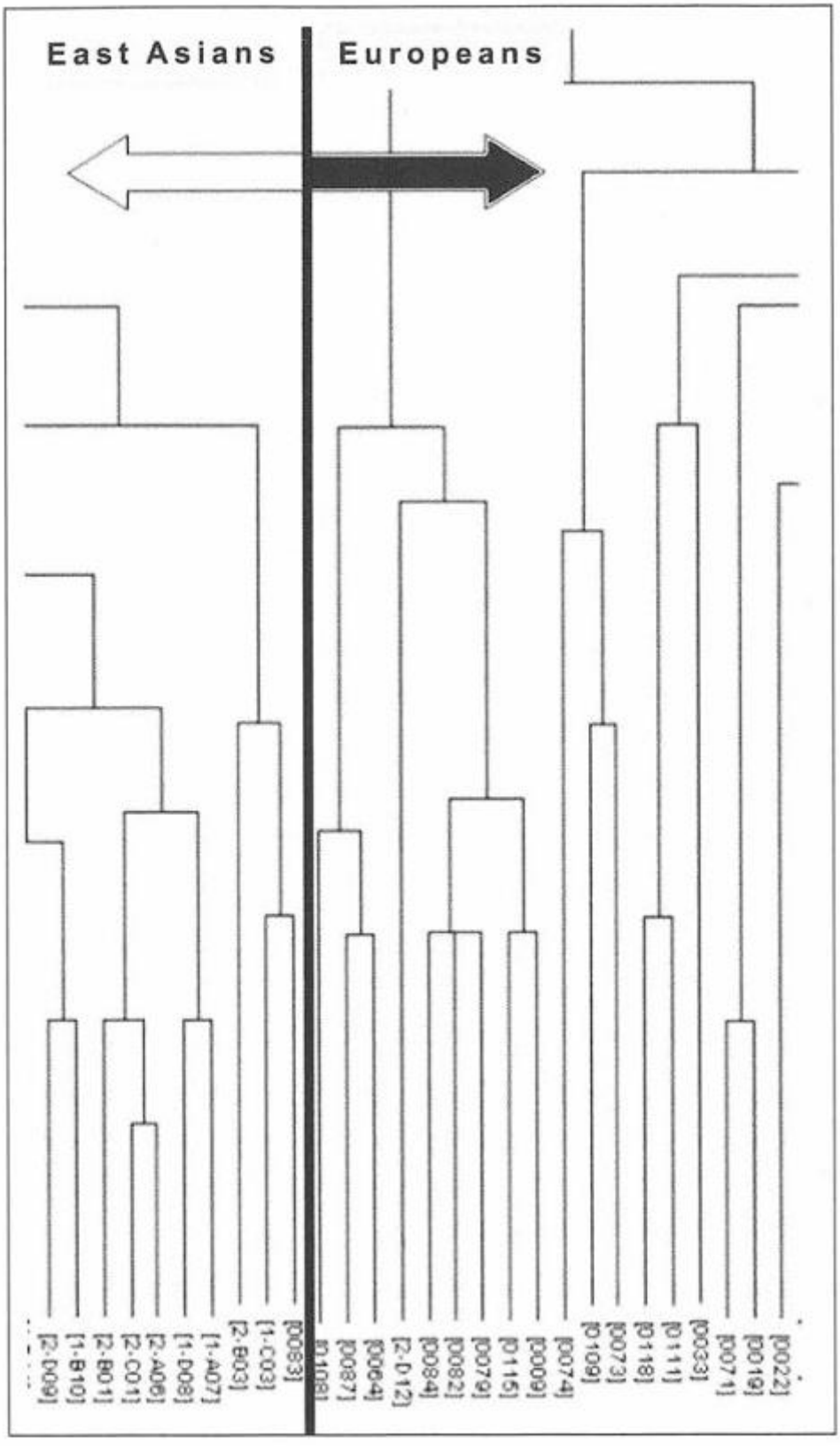
Melanocyty produkují dvě formy melaninu, nazývané „eumelanin“ a „feomelanin“. Barva kůže a vlasů je určována výhradně relativním množstvím těchto dvou pigmentů – a tyto hladiny jsou zase určovány kódováním v genu MC1R.

Receptor melanokortinu 1 řídí, který typ melaninu je melanocyty produkován. Když je receptor aktivován, spustí řadu chemických reakcí uvnitř melanocytů, které stimulují tyto buňky k tvorbě eumelaninu. Pokud receptor není aktivován nebo je blokován, melanocyty produkují místo eumelaninu feomelanin.

Pokud je tedy gen MC1R daného jedince kódován tak, aby produkoval obrovské množství melaninu, bude mít tento jedinec tmavé vlasy a pokožku, a naopak.

Lidé, jejichž geny produkují převážně eumelanin, mívají hnědé nebo černé vlasy, zatímco ti, jejichž geny produkují

převážně feomelanin, mívají červené nebo blond vlasy, pihy a světlou pleť.




*Obrázek 2 ze studie z roku 2008 zabývající se genetickými rozdíly v barvě pleti mezi obyvateli východní Asie a Evropany.*

*Jednotlivé rasové skupiny byly ve výsledcích odděleny čarou. Vlevo: mongoloidní jedinci; vpravo: kavkazoidní jedinci.*

To je klíč k pochopení původu rasových rozdílů v barvě kůže: stejně jako u všech rasových rozdílů jde i v tomto případě o diferenciaci na úrovni SNP a genů, která utváří rasové fenotypy.

## Různé SNP způsobují odlišné odstíny pleti u Evropanů a mongoloidů

Studie z roku 2008 provedená v Japonsku si kladla za cíl identifikovat konkrétní „alely SNP spojené s rasovými rozdíly v barvě pleti“.[23]

Na základě vzorků od „122 osob kavkazského typu z Toleda v Ohiu a 100 osob mongoloidního typu z Japonska“ vědci zkoumali 20 SNP v 7 kandidátských genech a v řadě dříve identifikovaných proteinů, mezi něž patřil „signální protein Agouti“ (ASIP), „protein 1 příbuzný tyrosináze“ (TYRP1), gen tyrosinázy (TYR), gen MC1R, gen „okulokutánního albinismu II“ (OCA2), „transkripční faktor asociovaný s mikroftalmií“ (MITF) a gen „myosinu VA“ (MYO5A).

Výsledky jejich studie byly neúprosné: rasové skupiny byly jednoznačně rozděleny podle genetických linií, což ukazuje jasné rozlišení podle rasového původu.

Studie z roku 2007, rovněž provedená v Japonsku, se dále zabývala rasovými rozdíly u dvou kódujících SNP, a to

[23] „Interactions between SNP Alleles at Multiple Loci Contribute to Skin Color Differences between Caucasoid and Mongoloid Subjects“, Anno, S. a kol., International Journal of Biological Sciences, 2008; 4(2); 81–86.

c.G1129A (R163Q) v genu MC1R a c.A1962G (H615R) v genu OCA2.[24]

Studie zjistila, že „alely Q163 a R615 převládaly téměř výlučně v populacích východní a jihovýchodní Asie“ a že „frekvence alely Q163 byla vyšší u Severovýchodoasijců než u Jihovýchodoasijců“. [25]

Studie dále uvádí, že alela L374F – mutace – která se vyskytuje v transportním proteinu genu SLC45A2 (nacházejícím se na 5p13.2, chromozom 5), a mutace A111T téhož genu se vyskytují pouze u Evropanů. Není překvapením, že studie také zjistila, že alela Q163 je „velmi častá u populací Nového světa [tj. u Amerindů], které mají afinitu k populacím východní Sibiře a severovýchodní Asie“.[26]

Kromě toho byla alela R615 v lokusu OCA2 vzácná nebo se nevyskytovala u indoevropských a afrických populací, zatímco u asijských populací byla velmi častá. Mezi další mutace specifické pro Asii patří alely rs12438490, rs12440330, rs12442916, rs1545397, rs12439410 a rs12440423, které se všechny nacházejí v intronových oblastech genu OCA2.

„Tyto mutace jsou pozorovány s extrémně vysokou frekvencí pouze u Číňanů a Japonců,“ pokračuje studie.[27]

---

[24] „Distribution of Two Asian-Related Coding SNPs in the MC1R and OCA2 Genes“, Yuasa, L. a kol., Biochemical Genetics 45:535–542, 2007.
[25] Tamtéž.
[26] Tamtéž.
[27] Tamtéž.

U Evropanů byl rovněž identifikován gen KITLG (nacházející se na pozici 12q21.32 na chromozomu 12) jako faktor ovlivňující barvu jejich kůže.[28]

**Různé SNP způsobují odlišné odstíny pleti u Afričanů ze subsaharské Afriky a u Sanů („Křováků“)**

Studie z roku 2017 zabývající se původem pigmentace kůže v Africe zaznamenala nejnižší hladiny melaninu u jihoafrických „lovců a sběračů z kmene San“ (dříve nazývaných „Křováci“) a nejvyšší hladiny u východoafrických pastevců z nilo-saharské oblasti.[29]

Jedná se o tyto geny:

- Gen MFSD12 (nacházející se na pozici 19pl3.3 na chromozomu 19), který souvisí s velmi tmavou pletí;
- Gen SLC24A5, který souvisí se světlejší pletí a do východní Afriky se dostal ze Středního východu v rámci neznámé migrace před přibližně pěti tisíci lety;
- Gen DDB1 (nacházející se na 11q12.2, chromozom 11), který souvisí s opravou poškození způsobeného UV zářením – což je u lidí s tmavou pletí vzácnost, a
- Mutace v genech OCA2 a HERC2 pozorovaná pouze u kmene San.

Studie rovněž odhalila, že tmavá pleť jihoasijských a australo-melanéských populací (například na Borneu) je rovněž

[28] „The Timing of Pigmentation Lightening in Europeans“, Beleza, S., Molecular Biology and Evolution, ročník 30, číslo 1, leden 2013, strany 24–35.
[29] „Loci associated with skin pigmentation identified in African populations“, Crawford, N. G. a kol., Science, 12. října 2017, sv. 358, č. 6365.

způsobena stejným genem MFSD12 – což znamená, že v určitém období musely mít společného předka.

Z výše uvedeného je zřejmé, že barvu pleti určují konkrétní geny a že tyto geny jsou specifické pro určité rasové skupiny, i když, jako je tomu u mnoha Asiatů a Evropanů, mají společnou světlou barvu pleti.

## Genetika barvy vlasů: geny, které způsobují černé, hnědé, blond a zrzavé vlasy

Stejně jako v případě barvy pleti je i barva vlasů určována zejména genem MC1R.

Pokud gen daného jedince produkuje převážně eumelanin, bude mít tmavou barvu vlasů (černou nebo hnědou, v závislosti na množství produkovaného eumelaninu). Pokud gen produkuje převážně feomelanin, bude barva vlasů světlá. Pokud se produkuje velké množství feomelaninu, bude barva vlasů oranžová nebo zrzavá.

Tmavě černé vlasy, které jsou běžné mimo Evropu, jsou tvořeny hustě uspořádaným eumelaninem, zatímco zrzavé vlasy jsou tvořeny hustě uspořádaným feomelaninem. Blond vlasy obsahují oba typy melaninu, ale ve velmi malém množství a volně uspořádané.

Šedivění vlasů nastává, když dojde k úbytku pigmentových buněk a ukládá se stále méně melaninu. Šedivé vlasy jsou známkou malého množství pigmentu, zatímco bílé vlasy nemají žádný pigment.

Stejně jako všechny geny se i tyto buňky produkující melanin dědí z rodičů na děti. Rozmanitost barvy vlasů v rodině přímo závisí na jejich přímých předcích, a proto mohou mít

evropské děti v jedné rodině vlasy různých barev. Mimo Evropu k tomu nedochází, ledaže by dotyčné osoby měly samy nějaké evropské předky.

Mezi další geny, u nichž bylo prokázáno, že regulují úroveň produkce eumelaninu a feomelaninu, patří ASIP nacházející se na 20q11.22, chromozom 20), DTNBP1 (nacházející se na 6p22.3, chromozom 6), GPR143 (nacházející se na Xp22.2, chromozom X), HPS3 (nacházející se na 3q24, chromozom 3), KITLG (nacházející se na 12q21.32, chromozom 12), MLPH (nacházející se na 2q37.3, chromozom 2), MYO5A (nacházející se na 15q21.2, chromozom 15), MYO7A (nacházející se na 11q13.5, chromozom 11), OCA2 (nacházející se na 15q12-q13.1, chromozom 15), SLC45A2 (nacházející se na 5p13.2, chromozom 5), SLC24A5 (nacházející se na 15q21.1, chromozom 15), TYRP1 (nacházející se na 9p23, chromozom 9), TYR (nacházející se na 11q14.3, chromozom 11), ERCC6 (nacházející se na 10q11.23, chromozom 6), GNAS (nacházející se na 20q13.32, chromozom 20), HERC2 (nacházející se na 15q13.1, chromozom 15), IRF4 (nacházející se na 6p25.3, chromozom 6), OB-SCN (nacházející se na 1q42.13, chromozom 1), SLC24A4 (nacházející se na 14q32.12, chromozom 14), TPCN2 (nacházející se na 11q13.3, chromozom 11) a MITF (nacházející se na 3p13, chromozom 3).[30]

Studie dále spojila konkrétní SNP a alely s barvou vlasů:

SNP rsl6891982, gen SLC45A2, černé vlasy.

SNP rs28777, gen SLC45A2, černé vlasy.

[30] „Model-based prediction of human hair color using DNA variants“, Branicki, W. a kol., Human Genetics, 2011; 129(4): str. 443–454.

SNP rs26722, gen SLC45A2, černé vlasy.

SNP rs12203592, gen IRF4, černé vlasy.

SNP rs9378805, gen IRF4, černé vlasy.

SNP rs4959270, gen EX0C2, černé vlasy.

SNP rs12913832, gen HERC2, černé vlasy.

SNP rs1393350, gen TYR, hnědé vlasy.

SNP rs4778138, gen OCA2, hnědé vlasy.

SNP rs4904868, gen SLC24A4, blond vlasy.

SNP rs1805005, gen MC1R, blond vlasy.

SNP rs2402130, gen SLC24A4, tmavě blond vlasy.

SNP rs1800407, gen OCA2, zrzavé vlasy,

SNP rs916977, gen HERC2, zrzavé vlasy.

SNP rs8039195, gen HERC2, zrzavé vlasy.

Alela MC1R_R, gen MC1R, zrzavé vlasy.

Alela MC1R_R, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP N29insA16, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP rs2228479, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP rs11547464, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP rs1805007, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP rs1805008, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP rs1805009, gen MC1R, zrzavé vlasy.

SNP rs2378249, gen ASIP, zrzavé vlasy.

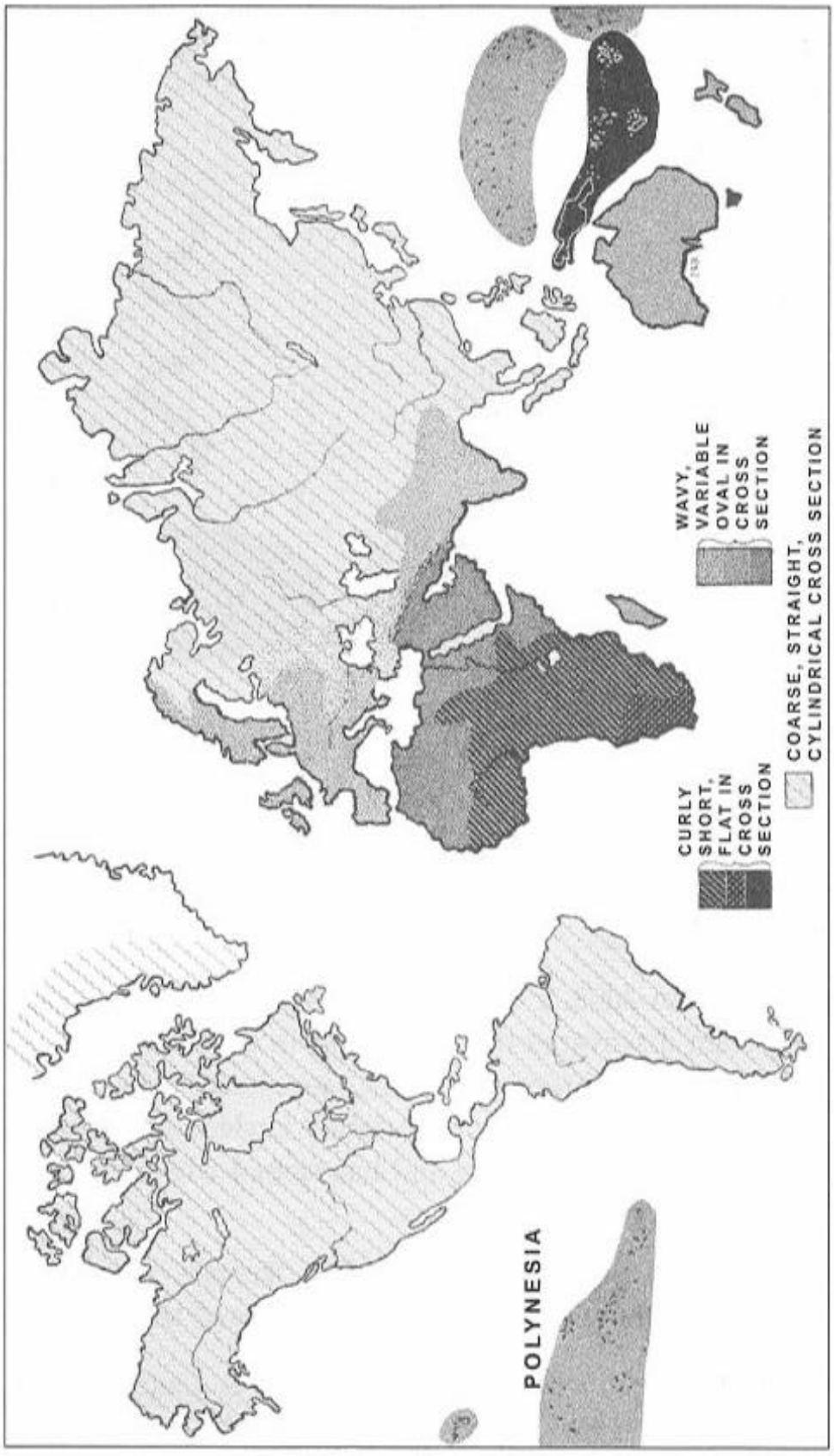
SNP rs1015362, gen ASIP, zrzavé vlasy.

SNP rs1015362, gen ASIP, krvavě zrzavé vlasy.

Evropané se výrazně liší od všech ostatních ras tím, že mají mnohem širší spektrum barev vlasů – a tudíž i odlišnou genetiku barvy vlasů. Totéž platí pro barvu očí.

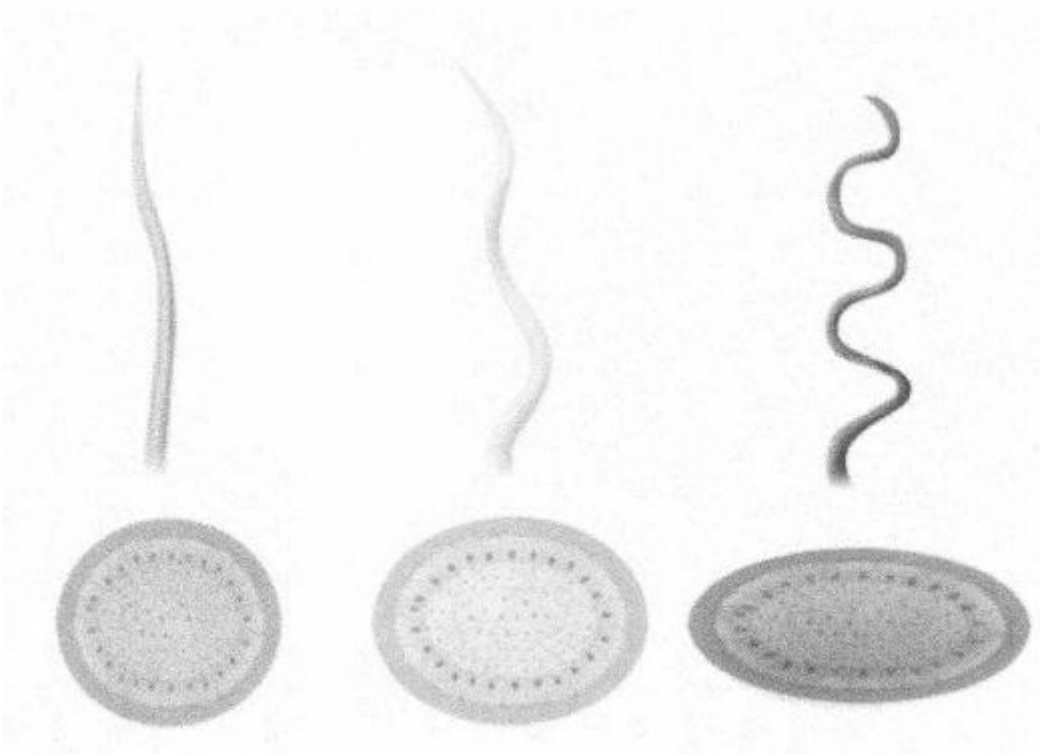
**Genetika struktury vlasů: Geny, které způsobují „kulaté“ evropské vlasy, „oválné“ asijské vlasy a „ploché“ africké vlasy**

Struktura vlasů, stejně jako barva pleti a barva očí, je také jasně rozlišena podle ras. „Vlasová mapa“ světa tuto skutečnost ilustruje:


WAVY, VARIABLE OVAL IN CROSS SECTION
COARSE, STRAIGHT, CYLINDRICAL CROSS SECTION
CURLY SHORT, FLAT IN CROSS SECTION
POLYNESIA

*„Vlasová mapa“ světa.*

Je zajímavé, že i tvar jednotlivých vlasů – plochý, oválný nebo kulatý – závisí na rase.



*Vlasy se fyzicky liší podle rasy: zleva doprava: evropské vlasy, asijské vlasy a africké vlasy.*

Za těmito fyzickými rozdíly stojí geny a řada studií prokázala, které konkrétní geny se na vzniku těchto rasových rozdílů podílejí.

Africké vlasy: V roce 2008 výzkumný tým z Columbia University Medical Center zjistil, že mutace v genu známém jako P2RY5 (13q14.2–14.3, chromozom 13) způsobují dědičné

„vlněné vlasy“[31], tedy vlasy, které jsou hrubé, suché, silně kudrnaté a řídké. Tento gen je běžný u Afričanů a rozšířil se všude tam, kde zanechali genetické dědictví.

Všechny vlasy obsahují shluky bílkovin známých jako „keratin-associated protein“ (KAP), avšak studie z roku 2014[32] ukázala, že určité variace genů těchto shluků se vyskytují u afrických populací, zatímco jinde prakticky chybí – a že právě ony přispívají k jedinečnému vzhledu a struktuře afrických vlasů.

Asijské vlasy: Vědecké studie prokázaly, že za tloušťku, rovnost a strukturu vlasů u Asiatů jsou zodpovědné variace ve dvou genech, EDAR (lokace 2q11-q13, chromozom 2) a FGFR2 (10q26.13, chromozom 10).[33]

Evropské vlasy: Výzkumy ukázaly, že polymorfismus v genu TCHH (lokalita 1q21.3, chromozom 1) určuje strukturu vlasů u lidí se severoevropským původem.[34] Válcovitý tvar tohoto evropského vlasu je dán způsobem, jakým se TCHH váže na jiné proteiny a na molekuly keratinu.

---

[31] „Disruption of P2RY5, an orphan G protein-coupled receptor, underlies autosomal recessive woolly hair,“ Shimomura, Y., Nature Genetics, svazek 40, strany 335–339 (2008).

[32] „Geographic Distribution and Adaptive Significance of Genomic Structural Variants: An Anthropological Genetics Perspective“, Eaaswarkhanth, M., Human Biology, sv. 86, č. 4 (podzim 2014), str. 260–275.

[33] „A scan for genetic determinants of human hair morphology: EDAR is associated with Asian hair thickness,“ Fujimoto, A., Human Molecular Genetics, 15. března 2008; 17(6):835–43.

[34] „Common variants in the trichohyalin gene are associated with straight hair in Europeans,“ Medland, S.E. a kol., American Journal of Human Genetics, listopad 2009; 85(5);750–5.

## Geny, které určují barvu očí – od modré přes hnědou až po černou – a všechny odstíny mezi nimi

Existuje samozřejmě široká škála barev očí, od modré přes šedou, zelenou, oříškovou a hnědou až po tmavě hnědou a černou – a téměř jakákoli variace mezi těmito základními barvami. Tyto variace jsou však vždy výsledkem smíšení v některé fázi předků daného jedince.

Genetické pozadí barvy očí je již dlouho známo. Ačkoli na určení barvy očí má vliv nejméně 16 genů, nejdůležitější jsou dva z nich – geny OCA2 a HERC2, které se nacházejí na lokusech 15q12-q13.1 a 15q13 (chromozom 15). Studie z roku 2006 například ukázala, že „lokus kvantitativního znaku spojený s oblastí OCA2 na 15q představuje 74 procent variace v barvě lidských očí ...“[35]

Studie dále analyzovala soubor dat obsahující 58 „exonových [exon] jednonukleotidových polymorfismů (SNP) a značkovacích SNP“ získaných od tisíců subjektů. Zjistili, že „nejsilnější asociace s barvou očí (modrá/nemodrá) byla nalezena u tří SNP v genu OCA2: rs7495174 T/C, rs6497268 G/T a rs11855019 T/C ... v intronu 1.“[36]

„Tyto tři SNP se nacházejí v jednom hlavním haplotypovém bloku, přičemž TGT[37] představuje 78,4 procenta alel.“

---

[35] „A three-single-nucleotide polymorphism haplotype in intron 1 of OCA2 explains most human eye-color variation,“ Duffy, D. a kol., American Journal of Human Genetics, únor 2007; 80(2):241–52.

[36] Tamtéž.

[37] Transglykosyláza, zkráceně TGT, je enzym, který slouží k přeměně molekul obsahujících cukr na jiné molekuly.

„Diplotyp TGT/TGT[38], který byl zjištěn u 62,2 procenta vzorků, byl hlavním genotypem ovlivňujícím barvu očí, přičemž jeho frekvence činila 0,905 u modrých nebo zelených očí oproti pouhým 0,095 u hnědých očí.“[39]

Studie dále uvádí, že tento genotyp modrých očí „se vyskytoval nejčastěji u osob se světle hnědými vlasy a častěji u osob se světlou a středně hnědou pletí, což je v souladu s tím, že haplotyp TGT působí jako recesivní modifikátor světlejších pigmentových fenotypů.“[40]

Studie z roku 2007 provedená v Nizozemsku tento závěr potvrdila a uvedla, že SNP v genu HERC2 (nacházejícím se na chromozomu 15q13) a „v menší míře“ v sousedním genu OCA2 (nacházejícím se na chromozomu 15q12-q13.1) byly nezávisle spojeny s variabilitou barvy duhovky.[41] Kromě toho SNP HERC2 rs916977 „vykazoval klínovité rozložení alel napříč 23 evropskými populacemi, které významně korelovalo s variabilitou barvy duhovky.“[42]

Další studie ukázala, že SNP rs916977 (chromozom 15) se vyskytuje u 97 procent všech Evropanů s modrýma očima a že varianty SNP rs11129038 a rs12913832 jsou u bělochů relativně časté, „ačkoli u jiných etnických skupin jsou vzácné“.[43]

---

[38] Diplotyp je kombinací dvou haplotypů.
[39] Tamtéž.
[40] Tamtéž.
[41] Tamtéž, s. 411.
[42] Tamtéž.
[43] „Blue eye color in humans may be caused by a perfectly associated founder mutation in a regulatory element located within the HERC2 gene inhibiting OCA2 expression,“ Eiberg, H. a kol., Human Genetics, březen 2008; 123(2):177–87.

Další studie odhalila, že „jediný SNP v intronu 86 genu HERC2, rs12913832, předpovídal barvu očí“ jako modrou nebo hnědou.[44]

V roce 2009 bylo zjištěno, že „missense“[45] SNP (rs1800407) souvisí se zelenýma/oříškově hnědýma očima.[46]

Studie z roku 2012 se zabývala „geny určujícími barvu očí“ na mezinárodní úrovni.[47] Tato studie zjistila, že „alely spojené s modrýma očima u všech tří haplotypů se v Evropě vyskytovaly ve vysoké frekvenci; jedna z nich se však vyskytuje pouze v Evropě a přilehlých oblastech, zatímco další dvě se vyskytují v mírné až vysoké frekvenci po celém světě.“[48]

Studie rovněž zjistila, že „alela rs1800414 se vyskytuje v podstatě pouze ve východní Asii, kde je zastoupena ve vysoké frekvenci“[49] – jinými slovy, právě ona je zdrojem barvy očí u Asiatů.

To vše potvrdila studie z roku 2010[50], která zjistila, že ačkoli za barvu očí u lidí odpovídá 16 různých genů, nejdůležitější jsou dva geny umístěné na chromozomu 15. Jak

---

[44] „A single SNP in an evolutionary conserved region within intron 86 of the HERC2 gene determines human blue-brown eye color“, Sturm, R. A., American Journal of Human Genetics, únor 2008; 82(2):424–31.

[45] Genetická změna, při níž substituce jediného páru bází mění genetický kód tak, že vzniká aminokyselina, která se liší od obvyklé aminokyseliny na dané pozici.

[46] „Interactions between HERC2, OCA2 and MC1R may influence human pigmentation phenotype,“ Branicki, W. a kol., Annals of Human Genetics, březen 2009; 73(2); 160–170.

[47] „A global view of the OCA2-HERC2 region and pigmentation“, Michael P. Donnelly, M. P. a kol., Human Genetics, 2012; 131(5): 683–696.

[48] Tamtéž.

[49] Tamtéž.

[50] „Genotype-phenotype associations and human eye color“, White, D. a kol., Přehledové články, Journal of Human Genetics – Nature, leden 2011; 56(1):5–7.

studie odhalila, „jednonukleotidové polymorfismy v kterémkoli z těchto dvou genů hrají významnou roli v barvě očí daného jedince“.[51]

Mechanismus tohoto procesu je složitý, v podstatě se však jedná o chemický proces, při kterém vzniká melanin. Nejdůležitější geny, které tento proces řídí, jsou známé pod odbornými názvy „Homologous to the E6-AP Carboxyl Terminus“ (HECT) a „Regulator of chromosome condensation 1“ (RCC1).

Obsahují protein zvaný „HERC2“ (zmíněný výše a umístěný na 15q13, chromozom 15), který je kódován 93 exony.

Intron v HERC2 poskytuje takzvanou „promotorovou oblast“ pro gen s názvem OCA2. Gen OCA2 poskytuje instrukce pro tvorbu bílkoviny zvané „P protein“, která se nachází ve specializovaných buňkách zvaných melanocyty.

Tyto melanocyty produkují pigment zvaný melanin – což je látka, která dává kůži, vlasům a očím jejich barvu.

Jinými slovy, hladina melaninu u jedince je kódována na úrovni SNP v jeho genech – a to přímo ovlivňuje jeho odstín pleti, barvu očí a vlasů.

Studie z roku 2012 nakonec zjistila, že alela HERC2 (OCA2) se v afrických a východoasijských populacích nevyskytuje a s vysokou četností se objevuje pouze v západní a severní Evropě. Absence této alely v afrických a východoasijských populacích vysvětluje jejich převládající barvu očí.

---

[51] Tamtéž.

## Barva očí závisí na přítomnosti konkrétních SNP

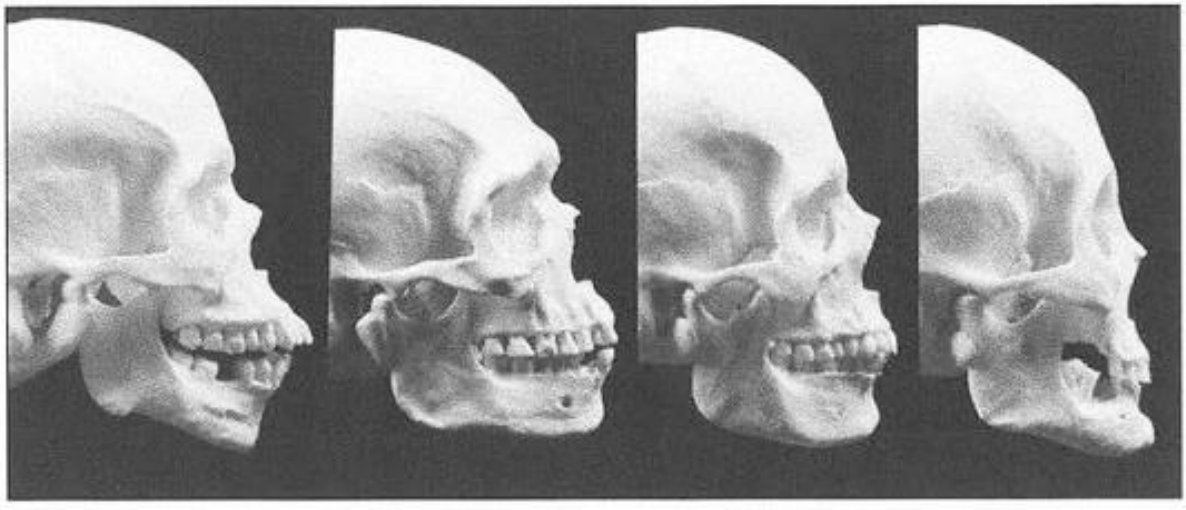
Důkazy jsou jasné: barva očí jedince závisí výhradně na přítomnosti či nepřítomnosti konkrétních SNP v určitých genech – a tyto geny se dědí přímo od rodičů daného jedince. Pokud tyto zděděné geny sdílí dostatečný počet lidí, vytvářejí „rodinu“ nebo fenotyp s podobným vzhledem – to, čemu říkáme rasa.

## Geny, které určují rasové rozdíly ve struktuře lebky a rysů obličeje

Ačkoli tvar lebky patří mezi nejjednodušší rasové identifikační znaky, které mají forenzní vědci k dispozici, široká veřejnost o této skutečnosti téměř neví. Pokud se o tom někdy na veřejnosti hovoří, je to obvykle prezentováno jako nějaká prastará, zlovolná nebo zdiskreditovaná pseudověda.

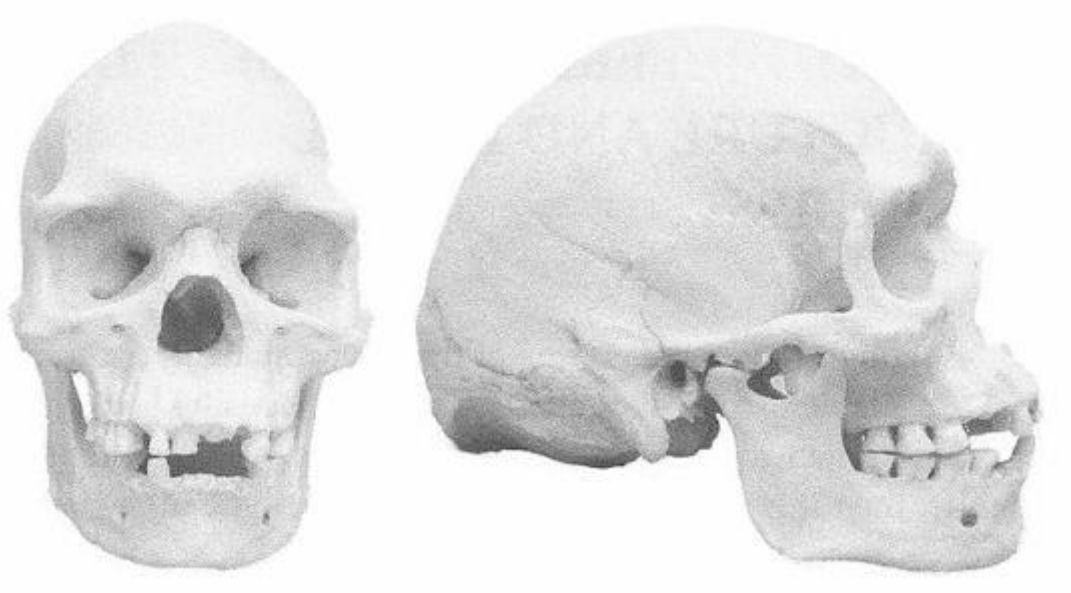
### Forenzní antropologové využívají rozdíly ve tvaru lebky k určení rasy

Nic samozřejmě nemůže být dále od pravdy a všichni policejní forenzní experti, patologové i lékaři si jsou vědomi významných rozdílů ve tvaru lebky. Tyto zřejmé rozdíly se aktivně vyučují na lékařských fakultách i v rámci forenzních věd. Stejně jako všechny fyzické znaky je i tvar lebky určen genetickou výbavou daného jedince.

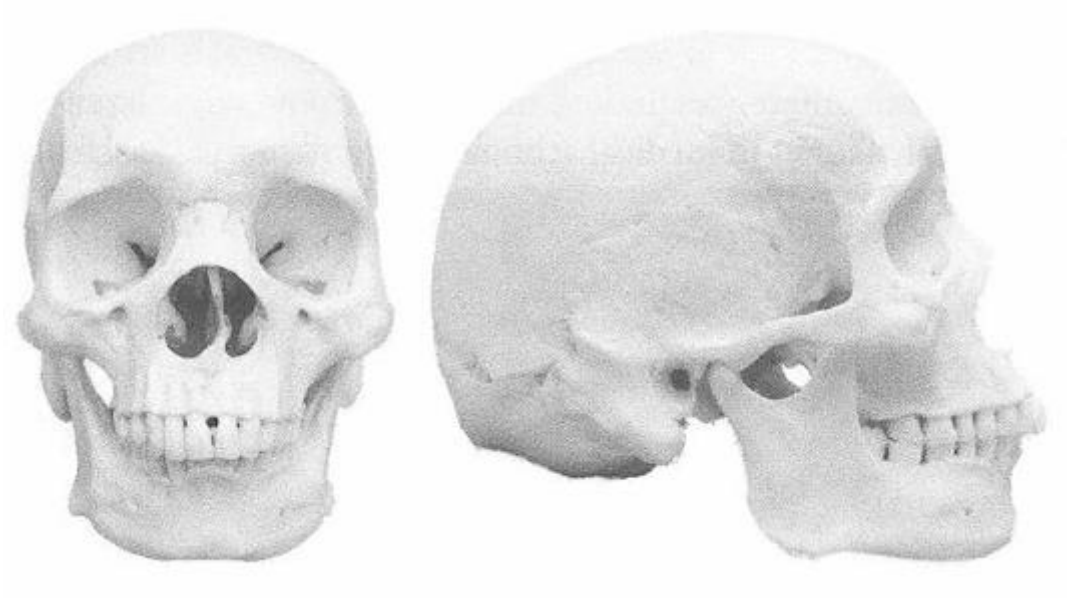


*Rasové typy z profilu: zleva doprava – Afričan, australský aboriginec, Evropan a Amerind.*

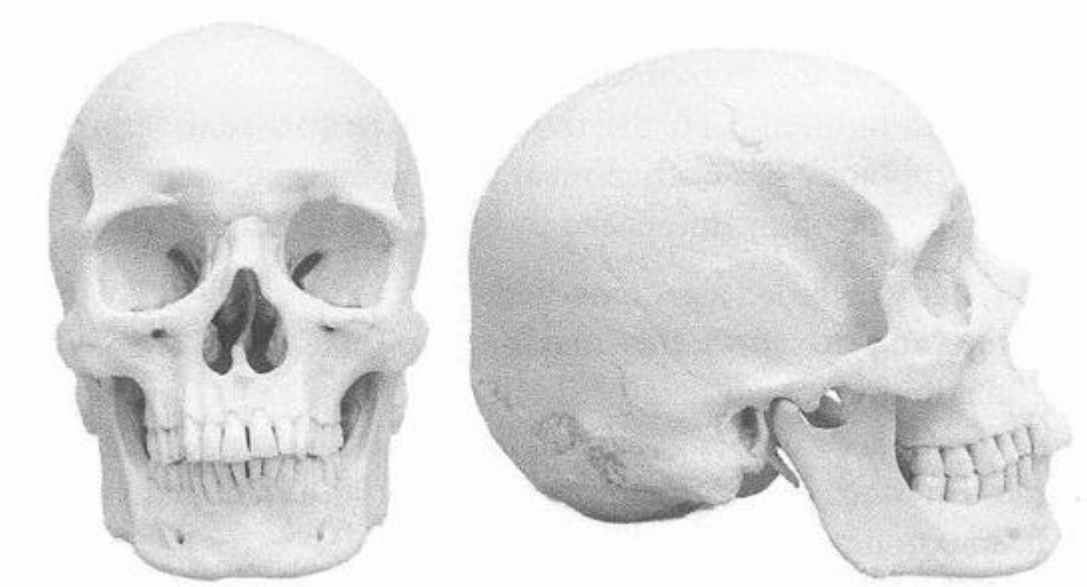
Tyto geny jsou zděděny od rodičů daného jedince a pokud se tyto geny vyskytují u dostatečného počtu lidí, tvoří „skupinu“ – nebo „rasu“.



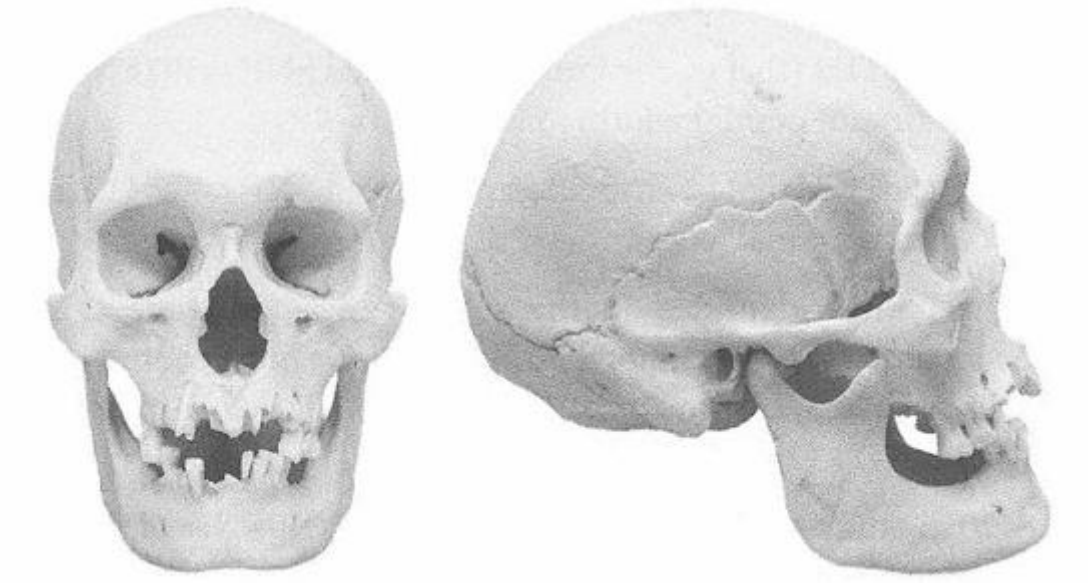
*Typická lebka australského aborigince.*



*Typická lebka subsaharského Afričana.*



*Typická Evropská lebka (severozápadní Evropa).*



*Typická lebka polynésana.*

## Geny, které jsou zodpovědné za odlišné tvary lebky u různých ras

Existuje také řada vědeckých studií, které přesvědčivě prokázaly souvislost mezi genetikou a tvarem a strukturou lebky. Níže uvádíme přehled nejvýznamnějších studií tohoto

druhu, z nichž všechny dospívají ke stejnému závěru: za tvar lebky jsou zodpovědné konkrétní geny.

V roce 2017 provedl tým mezinárodních vědců studii „tvaru lebeční klenby“[52], o které uvedli, že „se u lidí značně liší“.[53] Vědci dále uvedli, že „morfologie lebeční klenby má klinický i evoluční význam“, protože je „silně ovlivněna velikostí a tvarem mozku“.[54]

Studie zahrnovala genomovou asociační studii (GWAS) zaměřenou na tři parametry lebky: „maximální šířku lebky“ (MCW), „maximální délku lebky“ (MCL) a „cefalický index“ (CI). CI je číslo získané výpočtem poměru maximální šířky hlavy vynásobené 100 a následně vydělené její maximální délkou.

Vzorek byl odebrán od „4419 zdravých jedinců evropského původu“ a výsledky odhalily konkrétní geny odpovědné za utváření tvarů lebky:

Gen 15p11.2 (tj. chromozom 15, hlavní SNP rs29247670-8) pro maximální šířku lebky.

Gen 17q11.2 (tj. chromozom 17, hlavní SNP rs72841279) pro maximální délku lebky.

Mezi další geny identifikované ve studii, které ovlivňují tvar lebky, patřily geny NLK (17q11.2, chromozom 17), MEF2A (15q26.3, chromozom 15), SOX9 (17q24, chromozom 17) a SOX11 (2p25.2, chromozom 2).

---

[52] „Mapping genetic variants for cranial vault shape in humans“, Roosenboom, J. a kol., PLoS ONE, 26. dubna 2018.
[53] Tamtéž.
[54] Tamtéž.

Studie z roku 2015 zaměřená na africké kmeny Bantu z Tanzanie prokázala „dvojice genetických korelací u 38 měřítek tvaru a velikosti obličeje“ a „absolutní genetickou korelaci mezi většinou znaků, což naznačuje značné překrývání v příslušných genetických lokusech“.[55] Studie analyzovala genotypy 15 milionů běžných SNP, a to jak v rámci přímých rodinných jednotek, tak v širší skupině vybraných subjektů. Autoři dospěli k závěru, že „fenotypy tvaru a velikosti obličeje jsou vysoce dědičné a navíc vykazují vysokou genetickou korelaci, přičemž velkou část genetické složky rozdílů v obličeji lze vysvětlit běžnými variacemi v celém genomu.“

Studie také zjistila, že „stejné alely, které způsobují, že jedinec má široký obličej, způsobují také to, že má krátký obličej, a naopak.“

## Geny, které určují fenotyp v oblasti obličejové struktury

Mezinárodní studie provedená v roce 2012 zahájila svou práci prohlášením, že „mezilidské rozdíly ve tvaru obličeje patří k nejvýraznějším fenotypům u lidí a jsou zjevně předmětem genetického výzkumu…“[56]

Vědci, kteří se tímto výzkumem zabývali, „identifikovali pět nezávislých genetických lokusů spojených s různými fenotypy obličeje, což naznačuje, že na utváření lidského obličeje se podílí pět kandidátských genů – PRDM16, PAX3, TP63, C5orf50 a COL17A1.“ PRDM16 se nachází na 1p36.32 (chromozom 1), PAX3 na 2q36.1 (chromozom 2), TP63 na

[55] „Human Facial Shape and Size Heritability and Genetic Correlations“, Cole, J. a kol., Genetics, 1. února 2017, sv. 205, č. 2, str. 967–978.
[56] „A Genome-Wide Association Study Identifies Five Loci Influencing Facial Morphology in Europeans“, Liu, E., Plos Genetics, 13. září 2012.

3q28 (chromozom 3), C5orf50 na 12q21.32 (chromozom 12) a COL17A1 na 10q25.1 (chromozom 10).

Studie z roku 2016 provedená v Tanzanii hledala „genetickou souvislost fenotypů tvaru a velikosti obličeje“.[57] Tato oblast byla vybrána, protože je „jak geneticky, tak environmentálně relativně homogenní“.[58] Studie odhalila, že SNP v genech SCHIP1 a PDE8A byly spojeny s měřeními velikosti obličeje jak v genomově široké studii morfologie obličeje, tak „deset dalších lokusů prokázalo naznačující souvislost s různými měřeními tvaru obličeje“.

Pro pochopení rasových rozdílů je důležité, že studie dále uvádí, že její „závěry, které se liší od výsledků předchozích studií zaměřených na bělochy evropského původu, přispívají k lepšímu pochopení genetických základů normálního vývoje obličeje a přinášejí poznatky relevantní jak pro oblast lidských onemocnění, tak pro forenzní vědu.“[59]

Studie z roku 2016 provedená na evropských Američanech[60], která zahrnovala analýzu jednoho milionu genotypovaných SNP, odhalila „genomově významné asociace šířky lebeční základny v lokusu 14q21.1 [tj. na chromozomu 14] a 20q12 [chromozom 20], šířky mezioční vzdálenosti na 1p13.3 [chromozom 1] a Xq13.2 [X chromozom u žen], šířky nosu na 20p11.22 [chromozom 20], délky nosních křídel

[57] „Genomewide Association Study of African Children Identifies Association of SCHIP1 and PDE8A with Facial Size and Shape,“, Cole, J. B. a kol., Plos Genetics, 25. srpna 2016.
[58] Tamtéž.
[59] Tamtéž.
[60] „Genome-Wide Association Study Reveals Multiple Loci Influencing Nor-mal Human Facial Morphology“, Shaffer, J. R. a kol., Plos Genetics, 25. srpna 2016.

[spodní boční části nosu] na 14q11.2 [chromozom 14] a hloubka horní části obličeje na 11q22.1 [chromozom 11].“[61]

Studie dále uvádí: „O několika genech v asociovaných oblastech je známo, že hrají roli ve vývoji lebky a obličeje nebo u syndromů postihujících obličej: MAFB, PAX9, MIPOL1, ALX3, HDAC8 a PAX1. Také jsme testovali asociace genotyp-fenotyp popsané ve dvou předchozích studiích celého genomu a nalezli jsme důkazy o replikaci pro délku nosních křídel a SNP v CACNA2D3 a PRDM16.“[62]

Studie z roku 2018 odhalila, že s obličejovou strukturou bylo spojeno nejméně 24 SNP a že „globální mapa odvozených polygenních skóre obličeje shromáždila obličejové rysy v hlavních kontinentálních skupinách v souladu s antropologickými poznatky.“[63]

(Jinými slovy, genetické rozdíly odpovídaly fyzické diferenciaci lidí do geograficky oddělených ras.)

## Geny, které určují tvar obličeje, tvar nosu, polohu očí a všechny ostatní rysy obličeje

Samozřejmě to není jen tvar lebky, který je určen jednotlivými geny. Rysy obličeje – šířka, tvar nosu, poloha očí a všechny ostatní fyzické charakteristiky – jsou geneticky podmíněné.

Přibližně 50 genů odpovědných za tyto variace bylo identifikováno ve studii z roku 2013 o „rozmanitosti lidských

[61] Tamtéž.
[62] Tamtéž.
[63] „Novel genetic loci affecting facial shape variation in humans“, Xiong, Z. a kol., eLife, 26. listopadu 2019; 8:e49898.

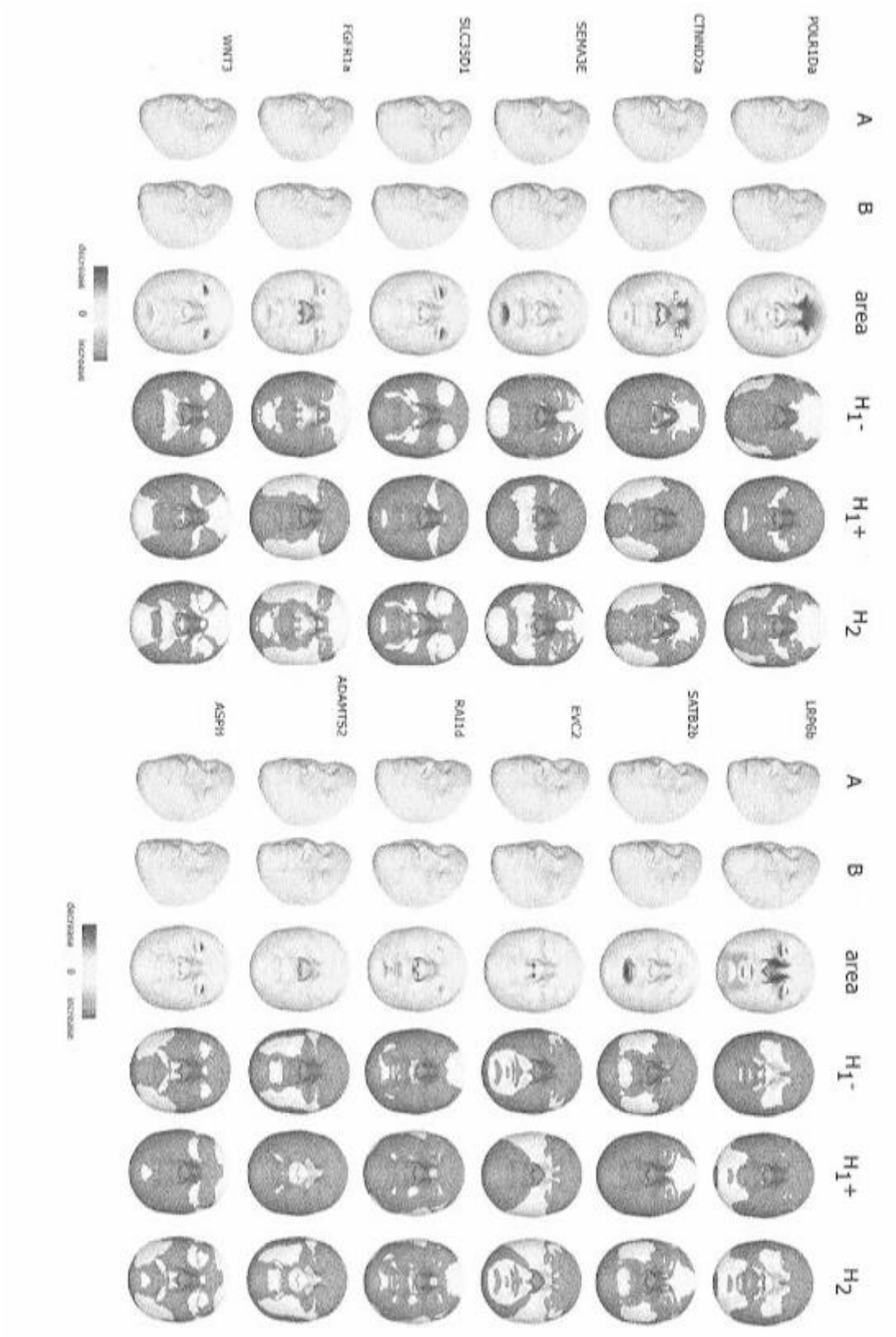
obličejů“[64] na vzorcích populace jedinců smíšeného západoafrického a evropského původu ze tří lokalit (Spojené státy, Brazílie a Kapverdy).

Tato studie zjistila, že „lze odhalit samostatné účinky konkrétních alel na rysy obličeje“[65] a že „výsledky týkající se souboru 20 genů, které vykazují významný vliv na rysy obličeje, podporují tento přístup jako nový způsob identifikace genů ovlivňujících rysy obličeje v normálním rozmezí a jako způsob odhadu vzhledu obličeje na základě genetických ukazatelů.“[66]

## Geny, které způsobují epikantické záhyby u některých asijských rasových podskupin

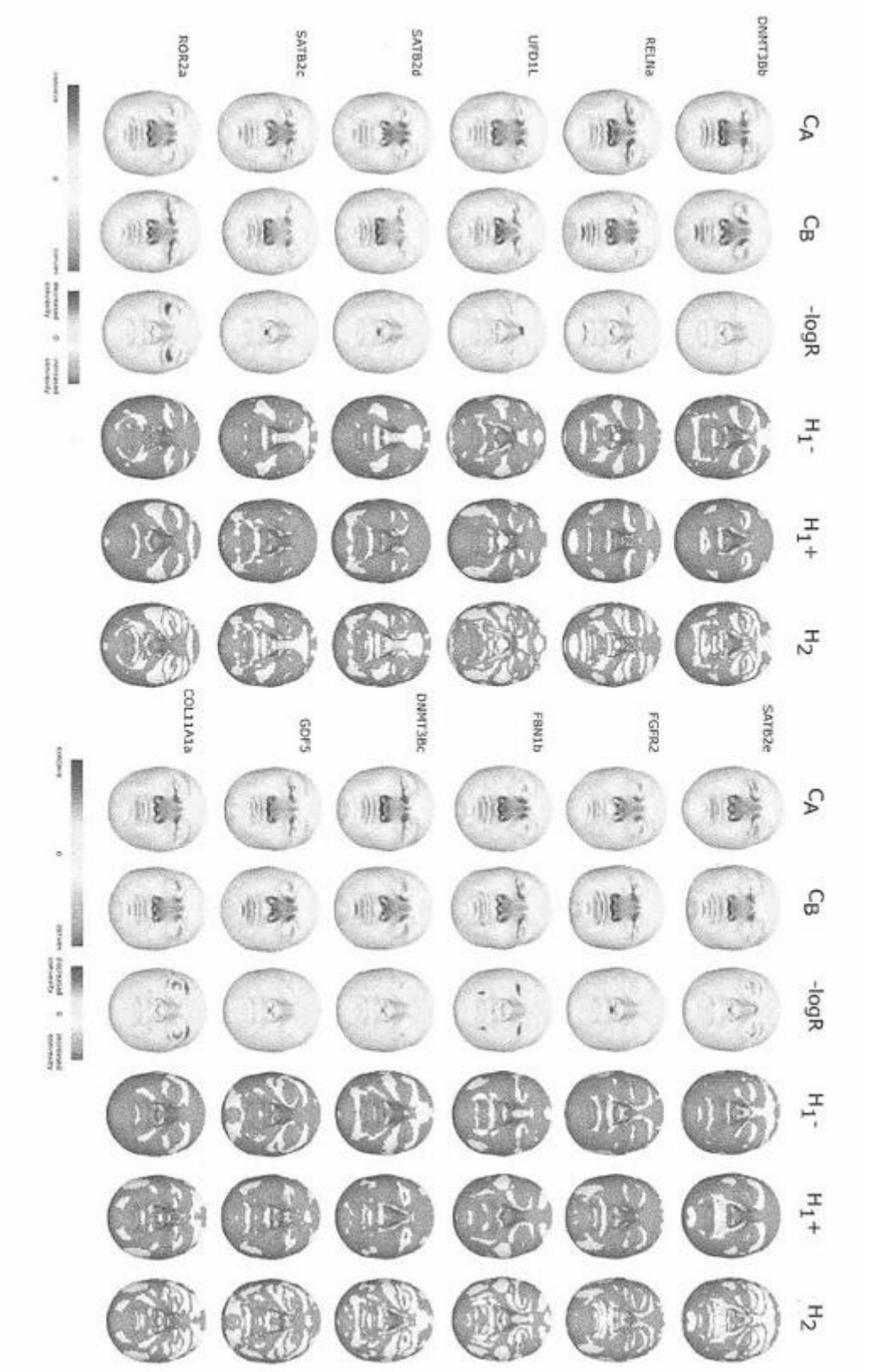
A konečně, epikantická rýha, která „představuje jeden z nejvýraznějších rysů tváří východních Asiatů“[67], byla v rámci studie celogenomové asociace přiřazena ke dvěma konkrétním SNP (rs12570134 a rs1415425). Studie ukázala, že tyto dva SNP mají u japonského obyvatelstva „genomově významnou souvislost s fenotypem dvojitého víčka“. U čínského etnika Han – dominantní subrasové skupiny v Číně – byl tento znak spojen hlavně se SNP rs1415425.

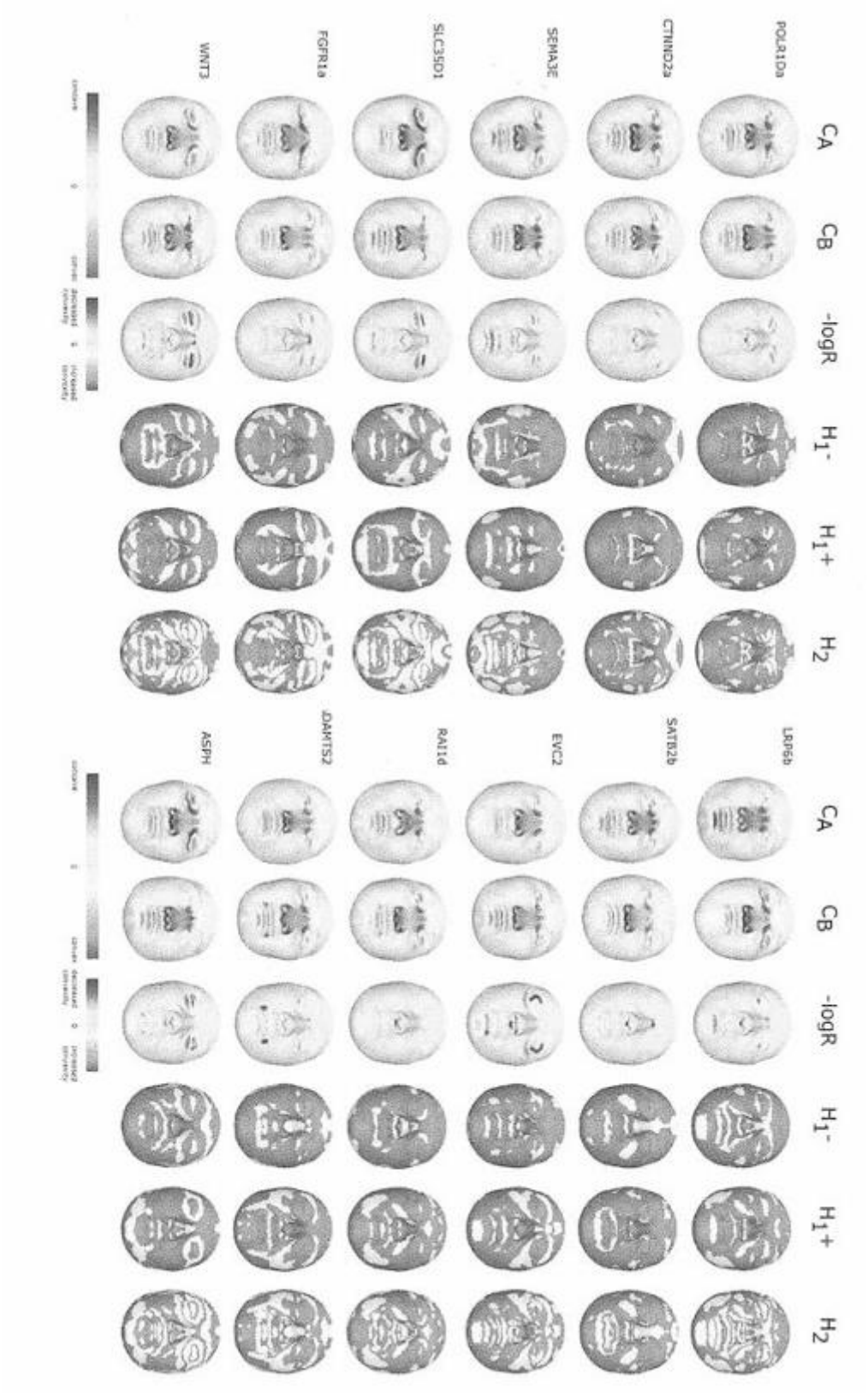
[64] „Modeling 3D Facial Shape from DNA“, Claes, P., Pios Genetics, 20. března 2014.
[65] Tamtéž.
[66] Tamtéž.
[67] „DNA-based eyelid trait prediction in Chinese Han population“, Wang, Q. a kol., International Journal of Legal Medicine, září 2021; 135(5):1743–1752.




*Tato stránka: Obrázky S39 (výše) a 40 (níže) z článku „Modeling 3D Facial Shape from DNA“ (2014) ukazují vliv jednotlivých genů (uvedených ve sloupcích vpravo od každé*

*sady obrázků) na různé části obličeje. Projev, neboli „exprese“ těchto genů u daného jedince, utváří jeho fyzický vzhled, a tím určuje jeho rasovou příslušnost.*






*Tato stránka: Obrázky S41 (výše) a 42 (níže) z článku „Modeling 3D Facial Shape from DNA“ (2014) ukazují vliv*

*jednotlivých genů (uvedených ve sloupcích vpravo od každé sady ilustrací) na různé části obličeje. Projev těchto genů u daného jedince utváří jeho fyzický vzhled, a tím určuje jeho rasovou příslušnost.*

A
B
area
H1-
H1+
H2
SATB2e
FGFR2
FBN1b
DNMT3Bc
GDF5
COL11A1a
decrease
0
increase

## Geny, které určují rasové rozdíly ve stavbě kostry

Rasové rozdíly ve výšce jsou nejvýraznější při srovnání severozápadních Evropanů s Východoasijci nebo s mnoha jihoamerickými indiány – a jsou skutečně natolik všeobecně známé, že se tyto rozdíly často stávají předmětem nevhodných vtipů.

Tyto zjevné rozdíly však ve skutečnosti představují jen špičku genetického ledovce, pokud jde o rozdíly v kostře mezi jednotlivými rasami.

Jak již bylo zmíněno, genové varianty u každé rasy vedou k radikálně odlišným tvarům lebky, přičemž u zbytku těla to není jinak. Opět je to genetika, a pouze genetika, která tuto skutečnost určuje.

### Vliv prostředí na vývoj kostry

Popírači rasových rozdílů se budou vždy snažit tvrdit, že za rozdíly, jako je výška, poměr délky paží k délce těla a podobně, může výživa (nebo spíše její nedostatek).

I když je jistě pravda, že nedostatečná výživa může a bude způsobovat problémy s růstem u každého jedince, správné stravovací návyky samy o sobě nikdy nezmění předem daný genetický potenciál daného jedince.

Jinými slovy, pokud jsou geny jedince předprogramovány na určitou výšku, žádná výživa (ani její nedostatek) tento potenciál nezmění. Tato osoba nikdy nebude vyšší, než jí to její geny dovolí, bez ohledu na prostředí.

Kromě toho dalším problémem, kterému čelí popírači rasové odlišnosti zastávající teorii „výchovy nad přírodou“, je skutečnost, že v průměru jsou u všech ras muži vyšší než ženy.

To je opět předurčeno genetikou a nemá to nic společného s výživou, což je zřejmé u mužů a žen ze stejné skupiny, kteří sdílejí stejné prostředí.

## Průměrná výška podle rasy

Tuto skutečnost jasně dokládá srovnávací tabulka výšek v různých geografických oblastech:

| | Muž | Žena | | Muž | Žena |
|---|---|---|---|---|---|
| **Afrika** | **Výška** | **Výška** | **Asie** | **Výška** | **Výška** |
| Severní Afrika | 1.73m | 1.61m | Západní Asie | 1.72m | 1.59m |
| Východní Afrika | 1.67m | 1.57m | Východní Asie | 1.74m | 1.62m |
| Západní Afrika | 1.70m | 1.59m | Jižní Asie | 1.66m | 1.55m |
| Jižní Afrika | 1.69m | 1.59m | Střední Asie | 1.71m | 1.60m |
| Střední Afrika | 1.69m | 1.58m | Jihovýchodní Asie | 1.67m | 1.55m |

| | Muž | Žena | | Muž | Žena |
|---|---|---|---|---|---|
| **Amerika** | **Výška** | **Výška** | **Evropa** | **Výška** | **Výška** |
| Karibik | 1.74m | 1.61m | Západní Evropa | 1.80m | 1.66m |
| Severní Amerika (neevropská) | 1.77m | 1.63m | Jižní Evropa | 1.76m | 1.63m |
| Jižní Amerika | 1.73m | 1.60m | Severní Evropa | 1.79m | 1.65m |
| Střední Amerika | 1.69m | 1.57m | Východní Evropa | 1.78m | 1.65m |

| | Muž | Žena | | Muž | Žena |
|---|---|---|---|---|---|
| **Oceánie** | **Výška** | **Výška** | **Austrálie** | **Výška** | **Výška** |
| Polynésie | 1.76m | 1.65m | Austrálie | 1.78m | 1.65m |
| Melanésie | 1.64m | 1.57m | | | |
| Mikronésie | 1.69m | 1.59m | | | |

*Průměrná výška podle světových regionů, 2020, zdroj: NCD Risk Factor Collaboration (NCD-RisC).*

Nejvyššími lidmi na světě jsou Dinkové ze Súdánu, kteří dosahují průměrné výšky 181,6 cm – a tuto výšku si udržují díky tomu, že jsou geneticky relativně homogenní –, zatímco nejnižšími jsou Pygmejové z Konga, jejichž průměrná výška nedosahuje ani 150 cm. Z evropské populace jsou nejnižší Sardinci a nejvyšší obyvatelé severního Nizozemska.[68]

## Geny, které určují výšku

Mezinárodní studie provedená v roce 2010[69] zjistila, že existují přinejmenším stovky genových lokusů obsahujících geny určující výšku. Mezi ty významnější (nikoli však všechny) patří následující:

- ACAN (lokalizace 15q26.1, chromozom 15, SNP rs2280470, rs16942341)
- SOCS2 (lokalizace 12q, chromozom 12, SNP rs10859563, rs11107116)
- PML (lokalizace 15q24.1, chromozom 15, SNP rs750460, rs5742915)
- HMGA1 (lokalizace 6p21.31, chromozom 6, SNP rs6938239, rs2780226)
- GHSR (lokalizace 3q26.31, chromozom 3, SNP rs7652177, rs572169)
- PPIF (lokalizace 10q22.3, chromozom 10, SNP rs7916441, rs2145998)
- NPR3 (lokalizace 5p13.3, chromozom 5, rs3792752, rs 1173727)

---

[68] „Worldwide variation in human growth and the World Health Organization growth standards: A systematic review“, Natale V. a kol., British Medical Journal, 2014; 4:e003735.

[69] „Hundreds of variants clustered in genomic loci and biological pathways affect human height,“ Allen, H. L. a kol., Nature. 14. října 2010; 467(7317): 832–838.

- SDR16C5 (lokalizace 8q12.1, chromozom 8, SNP rs10958476, rs7460090)
- HHIP (lokalizace 4q31.21, chromozom 4, SNP rs2353398, rs7689420)
- LCORL (lokalizace 4p15.31, chromozom 4, SNP rs2724475, rs6449353)
- GH region (lokalizace 17q, chromozom 17, SNP rs2070776, rs2665838)
- NOG (lokalizace 17q22, chromozom 17, SNP rs1401796, rs227724)
- FBXW11 (lokalizace 5q35.1, chromozom 5, SNP rs6892884, rs12153391)
- EFEMP1 (lokalizace 2p16.1, chromozom 2, rs1367226, rs3791675)
- DNM3 (lokalizace 1q24.3, chromozom 1, rs2421992, rs17346452)
- GPR126 (lokalizace 6q24.2, chromozom 6, SNP rs225694, rs7763064)
- IHH (lokalizace 2q35, chromozom 2, SNP rs10187066, rs12470505)
- MICA (lokalizace 6p21.33, chromozom 6, SNP rs879882, rs2256183)

Poznámka: Toto je pouze částečný seznam. Existuje mnohem více takových genových lokusů a velký počet těch, které ovlivňují výšku, znamená, že tento znak je vysoce dědičný – což zase znamená, že mezi různými rasami existuje značná míra společných rysů, díky nimž vzniká průměrná výška, která je pro danou skupinu charakteristická. Dobrým příkladem tohoto faktoru dědičnosti je gen HMGA2 (nacházející se na

pozici 12q14.3 na chromozomu 12). Studie z roku 2007[70] zjistila, že změna jediného písmene v kódu tohoto genu je zodpovědná za to, že jsou někteří lidé vyšší než ostatní.

## Rasové rozdíly ve výšce způsobené specifickými genetickými rozdíly

Vědci zjistili, že zdědění jedné kopie genu, v němž je místo písmene „T“ písmeno „C“, zvyšuje výšku člověka přibližně o půl centimetru (0,2 palce), zatímco zdědění dvou kopií tohoto genu přidává téměř celý centimetr (0,4 palce). Alespoň 25 procent Evropanů nese dvě verze „vysoké“ varianty genu, zatímco další čtvrtina nese dvě „nízké“ varianty, což vysvětluje rozdíly ve výšce mezi Evropany.

V Peru studie z roku 2018[71] provedená mezi nízkými domorodými obyvateli objevila alelu genu zvaného FBN1 (nacházejícího se na 15q21.1, chromozom 15), která se liší o jednu bázi od obvyklé sekvence DNA tohoto genu. Tato změna mění aminokyselinu v bílkovině pokryté sacharidy zvané fibrilin-1 a osoba, která nese pouze jednu kopii této varianty, je asi o 2,2 centimetru menší než lidé s jinými verzemi genu. Ti, kteří mají dvě kopie, mohou být o více než 4 centimetry menší.

Studie z roku 2022 o genetice a výšce identifikovala celkem 697 genetických variant souvisejících s výškou.[72]

---

[70] „A common variant of HMGA2 is associated with adult and childhood height in the general population“ Weedon, N. M., Nature Genetics, říjen 2007; 39(10):1245–50.

[71] „High altitude may have driven short stature in Peruvians,“ Pennisi, E., Science, 18. května 2018; 360.

[72] „A saturated map of common genetic variants associated with human height“, Yengo, L., Nature, svazek 610, str. 704–712 (2022).

Studie, která vznikla v rámci mezinárodní spolupráce konsorcia GIANT (Genetic Investigation of Anthropometric Traits), analyzovala téměř 5,4 milionu jedinců různého etnického původu. 75,8 procenta analyzovaného vzorku tvořili převážně lidé evropského původu, 8,8 procenta převážně lidé východoasijského původu, 8,5 procenta lidé hispánského původu, 5,5 procenta lidé afrického původu a 1,4 procenta převážně lidé jihoasijského původu.

Analýza 12 111 SNP vysvětlila „40 procent (45 procent) fenotypové variability v populacích evropského původu“ a „přibližně 10–20 procent (14–24 procent) v populacích jiného původu“, uvádí studie a dodává[73], že „k dosažení srovnatelné saturace u jiných původů je zapotřebí dalšího výzkumu“.

## Fyzické rozdíly ve stavbě kostry, které forenzní odborníci a antropologové využívají k určení rasy

Forenzní vědci již dlouho vědí, že je možné určit rasu jedince pouhým zkoumáním struktury kostry.

Tato vědecká metoda je natolik přesná a podrobná, že dokáže určit rasu na základě kteréhokoli z řady rasově specifických kostních znaků:

- Přítomnost oválného okénka ve vnitřním uchu, které se vyskytuje častěji u bělochů než u Amerindů.
- Tvar alveolární oblasti, který rozlišuje mezi asijskými, africkými a severoamerickými indiánskými skupinami.
- Průměr krku.
- Výška interkondylární rýhy (nacházející se na konci stehenní kosti v místě, kde se napojuje na koleno).

[73] Tamtéž.

- Zakřivení stehenní kosti.
- Průměr a rozměry pánve.
- Rozměry holenní kosti a mnoho dalších.[74]

Všechny tyto vlastnosti budou samozřejmě genetického původu a budou řízeny jedním nebo více z výše uvedených genů.

**Určení rasy pouze na základě kostní struktury**

S příchodem počítačových technologií a umělé inteligence (AI) došlo k zásadnímu posunu v procesu hodnocení. Například v květnu 2022 se objevily zprávy, že „modely hlubokého učení založené na umělé inteligenci dokážou určit rasovou příslušnost člověka pouze na základě jeho rentgenových snímků“.[75]

Článek v časopise Science odhalil, že vědci vycvičili svou umělou inteligenci na základě stovek tisíc existujících rentgenových snímků, které byly označeny údaji o rasové příslušnosti pacienta. Mezinárodní tým zdravotnických výzkumníků z USA, Kanady a Tchaj-wanu poté otestoval svůj systém na rentgenových snímcích, které počítačový program dosud neviděl (a o nichž neměl žádné další informace).[76]

Umělá inteligence dokázala s překvapivou přesností předpovědět rasovou identitu pacienta na těchto snímcích, a to i v případě, že snímky byly pořízeny u osob stejného věku a

[74] „Determination of Race from the Skeleton through Forensic Anthropological Methods“, Church, M.S., Forensic Science Review, červen 1995; 7(1): 1–39.
[75] „AI Can Predict Peoples Race from X-Ray Images, And Scientists Are Concerned“, Science, 18. května 2022.
[76] Tamtéž.

pohlaví. U některých skupin snímků dosáhl systém přesnosti 90 procent.[77]

Formální studie o schopnosti umělé inteligence rozpoznat rasu pouze na základě rentgenových snímků dodala, že „... schopnost modelů hlubokého učení umělé inteligence [určit rasu] přetrvávala ve všech anatomických oblastech a frekvenčních spektrech snímků.“[78]

## Mezi rasové fyzické rozdíly v kostní stavbě patří poměr délky končetin k délce trupu

Tyto kostní rozdíly se projevují také v poměru délky končetin k délce trupu. Jak uvádí studie britské Oxford Brookes University, „byl zkoumán vztah mezi výškou a rozpětím paží u obou pohlaví a různých etnických skupin s cílem posoudit, zda lze měření rozpětí paží použít jako vhodný náhradní ukazatel výšky.“[79]

Výsledky, jak jsou uvedeny v článku, odhalily, že „rozpětí paží se významně lišilo od výšky u dvou etnických skupin, a to u Afro-Karibců obou pohlaví a u asijských mužů.

„To naznačuje, že jakékoli budoucí studie, které se pokusí použít měření rozpětí paží jako náhradní ukazatel výšky, musí tyto etnické rozdíly zohlednit.“[80]

---

[77] Tamtéž.

[78] „AI recognition of patient race in medical imaging: a modelling study“, The Lancet, Gichoya, J. W. a kol., The Lancet, 11. května 2022.

[79] „The relationship between arm-span measurement and height with special reference to gender and ethnicity“, Reeves, S. L. a kol., Fakulta biologických a molekulárních věd, Oxford Brookes University, Headington, Velká Británie. PMID: 8793422.

[80] Tamtéž.

Další starší studie, která prezentovala výsledky antropometrického výzkumu zahrnujícího 293 černošských a 298 bělošských žen ve věku 35–89 let, „které byly zdravé, nežily v ústavní péči a bydlely v Severní Karolíně“[81], zjistila výrazné rozdíly mezi evropskými Američankami a Afroameričankami, a to i s přihlédnutím k tomu, že druhé jmenované mají v průměru asi 30 procent bělošského původu.

Navzdory tomu přezkoumání výsledků ukázalo, že „korelace rozpětí paží a výšky u černošských subjektů byla 0,852 a u bělošských subjektů 0,903“ a „korelace věku a rozpětí paží u bělošských žen byla -0,167 a u černošských žen -0,106“.[82]

Studie z roku 2014 provedená v Severní Karolíně měla za cíl stanovit „poměry mezi charakteristickými rozměry obličeje, jako je šířka a délka hlavy, výška a rozpětí paží, čelo a dolní část obličeje, a porovnat je napříč pohlavím a rasou“.[83]

Studie dospěla k závěru, že „po statistické analýze poměrů bylo zřejmé, že tělesné míry vykazují vysokou korelaci s rasovým původem. Bylo konstatováno, že zlatý řez je pouze ideálním poměrem, který se u dnešních lidí nevyskytuje; místo toho je výrazně patrný v přírodě, architektuře a umění.“

## Rasové rozdíly v hustotě a pevnosti kostí

Studie z roku 2016 zaměřená na příčiny osteoporózy u mužů (oslabení kostí), která byla provedena ve Velké Británii

---

[81] „Arm-span, height, and age in black and white women“, Steele, M.F. a kol., Annals of Human Biology, listopad–prosinec 1990; 17(6):533–41.
[82] Tamtéž.
[83] „Correlation Between Body Measurements of Different Genders and Races“, Goel, S. a kol., Springer Proceedings in Mathematics and Statistics (PROMS, svazek 109), říjen 2014.

na mužské populaci evropského, afrického a jihoasijského původu, odhalila celou řadu rasových rozdílů v plošné kostní minerální hustotě (aBMD), objemové kostní minerální hustotě (vBMD), geometrii kostí a jejich pevnosti.[84]

Studie zjistila, že:[85]

- Afričané vykazovali vyšší hodnotu aBMD v celém těle, v oblasti celkové kyčle i krčku stehenní kosti ve srovnání s bílými a jihoasijskými muži, a to bez ohledu na korekci velikosti těla.
- Evropané měli delší osu kyčle než afričtí i jihoasijští muži.
- Evropané měli také „významně nižší kortikální vBMD v diafýze tibie“ [dlouhá centrální část tibie] než Afričané nebo Jihoasijci.
- V diafýze mají Jihoasijci kosti podobné velikosti, ale tenčí kortikální vrstvu než Evropané.
- V diafýze tibie a radiusu měli Afričané větší kosti s tlustší kortikální vrstvou a větší pevností v ohybu než ostatní skupiny.
- V oblasti metafýzy [části holenní kosti těsně před koncem kosti] měli Jihoasijci menší kosti a nižší trabekulární vBMD [příčky tvořené pruhy pojivové tkáně].
- Afričané měli vyšší aBMD v celém těle, v celém kyčelním kloubu a v krčku stehenní kosti než běloši.

V tuto chvíli by již nemělo být nutné zdůrazňovat, že všechny tyto rozdíly spočívají v jednotlivých genech, které se

[84] „Ethnic differences in bone geometry between White, Black and South Asian men in the UK“, Zengin, A., Bone, říjen 2016; 91:180–185.
[85] Tamtéž.

projevují na úrovni skupiny – což je opět důkazem genetické, a tedy biologické reality rasy.[86]

[86] Na okraj této kapitoly: Dominance Afričanů – a zejména východních Afričanů – v mezinárodní atletice vedla k domněnce, že za atletickými úspěchy Afričanů stojí genetické předpoklady. Ačkoli by se to na první pohled jevilo jako nejlogičtější vysvětlení, je třeba poznamenat, že v době psaní tohoto textu (2022) neexistují žádné spolehlivé důkazy, které by tuto domněnku podpořily. Jak však uvádí článek v British Medical Journal, „je předčasné tvrdit, že výkon není geneticky podmíněn... To je do značné míry způsobeno dosavadními omezeními výzkumných metod a kapacit, vzhledem k malému počtu vzorků a zaměření na polymorfismy kandidátních genů... Budoucí studie, využívající metody celogenomových asociačních studií a identifikující panel jednonukleotidových polymorfismů, o nichž je známo, že ovlivňují fyziologii a výkon, mohou dále odhalit základ pro výhodu“ („The genetic basis for elite running performance“, Tucker, R. et al., British Journal of Sports Medicine, 2013; 47:545-549).

## Geny, které určují rasové rozdíly v inteligenci

Skutečnost, že mezi rasami existují rozdíly v inteligenci – vyjádřené takzvanými hodnotami „inteligenčního kvocientu“ (IQ) – je již dlouho všeobecně přijímána jako prokázaný fakt. Důkazy o existenci odlišných hodnot v různých částech světa jsou natolik přesvědčivé, že ani ti, kdo popírají existenci ras, si netroufají předstírat, že tomu tak není.

### Hodnoty inteligenčního kvocientu (IQ) a prostředí

Argument proti používání hodnot IQ jako jakéhokoli měřítka se naopak obvykle opírá o tvrzení, že při určování inteligence hraje zásadní roli „prostředí“.

Tento argument je, stejně jako všechny argumenty proti záplavě genetických důkazů, fakticky nepodložený. I když je jistě pravda, že znevýhodněné prostředí, jako je nedostatek vhodné výživy atd., může ovlivnit vývoj, může to být vždy jen negativní: nikdy to nemůže být pozitivní. „Dobré“ prostředí umožní jedinci pouze dosáhnout svého nejvyššího potenciálu – ale nezmění úroveň tohoto nejvyššího potenciálu.

Uvedu praktický příklad: dítě s IQ 85, pokud bude posláno na vyšší vzdělávací instituci, za nejlepších okolností nikdy nebude schopno dosáhnout více, než je jeho úroveň inteligence. Pravděpodobně si povede „lépe“ než v negativním prostředí, ale ani ty nejlepší možné okolnosti na světě nezvýší jeho IQ nad 85.

### Hodnoty IQ podle rasy z celého světa

Debata o „příčině“ rozdílů v IQ je rovněž chybná vzhledem k množství důkazů, které ukazují, že tyto rozdíly mají genetický původ. Na rozdíl od tvrzení popíračů rasové

odlišnosti existuje ve skutečnosti ohromné množství důkazů, které dokazují, že inteligence, velikost mozku a z toho vyplývající schopnosti jsou geneticky podmíněné – a že tyto úrovně IQ se projevují přesně v souladu se sedmi hlavními rasovými kategoriemi, které již byly definovány.

Tyto rozsahy IQ lze shrnout v následující tabulce, seřazené podle rasy od těch s nejnižším průměrným IQ po ty s nejvyšším:

| Rasová skupina | Lokace | Průměrné IQ | Rozmezí IQ |
|---|---|---|---|
| Křováci | Jihozápadní Afrika | 54 | 48-62 |
| Aboriginci | Austrálie | 62 | 53-74 |
| Aboriginci | Nová Guinea | 63 | 50-60 |
| Subsaharští Afričané | Afrika (1) | 67 | 59-89 |
| Semité | Saúdská Arábie (2) | 84 | 84 |
| Tichomořští ostrované | Tichomořské ostrovy | 85 | 80-89 |
| Rasově smíšení Afričané (3) | USA | 85 | 77-93 |
| Amerindové (4) | Severní Amerika | 86 | 69-94 |
| Jihovýchodoasijci | Jihovýchodní Asie | 87 | 86-93 |
| Tichomořští ostrované | Nový Zéland (5) | 90 | 81-96 |
| Arktičtí lidé | Severní Amerika | 91 | 78-96 |
| Evropané | Evropa (6) | 99 | 87-105 |
| Evropané | USA (7) | 101 | 96-109 |
| Asiaté (Čína, Japonsko a Korea) (8) | Východní Asie | 105 | 100-120 |

*Údaje z publikací Race Differences in Intelligence: An Evolutionary Analysis, prof. Richard Lynn, Washington Summit Publishers, 2006; a IQ and Global Inequality, prof. Richard Lynn a Tatu Vanhanen, Washington Summit Publishers, 2006.*

Poznámky k této tabulce:

1. Statistiky týkající se severní Afriky nejsou zahrnuty do údajů o subsaharské Africe. Důvodem je to, že severní Afrika má smíšené obyvatelstvo složené ze Semitů,

Evropanů a Afričanů. Hodnoty IQ u těchto národů se pohybují kolem 85 bodů.

2. DNA prokázala, že srdcem semitských ras je Arabský poloostrov. Židé, ačkoli nesou semitský zakládající gen, se smísili s jinými rasovými skupinami. Zejména aškenázští Židé mají v průměru 30 procent evropské příměsi, což dramaticky zvýšilo jejich IQ, v některých případech až nad evropský průměr. Sefardští Židé, kteří mají méně vnější příměsi, vykazují konzistentně úroveň IQ odpovídající semitskému průměru.

3. DNA testy Afričanů ve Spojených státech, kteří tam žijí již od dob otroctví, ukazují evropskou příměs kolem 24 procent. Tento evropský původ zvýšil jejich IQ nad úroveň subsaharských Afričanů.

4. Američtí indiáni mají své předky v západní Asii.

5. Maorové mají svůj původ v jihovýchodní Asii a od té doby se smísili s Polynésany.

6. Mezi Evropany existují značné rozdíly v IQ, jak dokládá uvedené rozmezí (87 až 105). Vyšší hodnoty IQ (101 až 105) se soustřeďují v severozápadní Evropě, zatímco nižší hodnoty IQ se vyskytují na jihu a jihovýchodě Evropy. Tyto rozdíly v hodnotách IQ v uvedených regionech jsou způsobeny historickým smíšením s populacemi mimo Evropu.

7. Vyšší evropské IQ v Americe je způsobeno tím, že většina zakládajícího bílého obyvatelstva USA pocházela ze severozápadní Evropy. Vzhledem k tomu, že počet obyvatel ze severozápadní Evropy v posledním desetiletí

klesl v důsledku zvýšené imigrace z jiných částí Evropy, toto IQ „původních bílých Američanů“ postupně klesalo.

8. Tento výsledek se omezuje na vybrané skupiny v jihovýchodní Asii a nevztahuje se na všechny obyvatele této oblasti. Dále je třeba poznamenat, že průměrné IQ severozápadních Evropanů, které činí 105, odpovídá průměrnému nejvyššímu IQ v jihovýchodní Asii.

## Pokroky v genetice vysvětlují rasové rozdíly v IQ

Výchozím bodem pro pochopení vztahu mezi rasou a IQ je velikost a tvar mozku. Jak se dalo očekávat, velikost mozku se mezi jednotlivými rasami výrazně liší.[87]

- Průměrný objem lebky u jihovýchodoasijských mužů z Asie činí 1 364 cm³.
- Průměrný objem lebky u evropských mužů činí 1 347 cm³.
- Průměrný objem lebky u subsaharských afrických mužů činí 1 267 cm³.

Hodnoty u žen byly ve všech případech v průměru o 100 cm³ nižší než u mužů. Stejně jako u všech „průměrů“ je třeba mít na paměti, že se jedná pouze o průměr – a že ve všech sledovaných skupinách se vyskytuje značný počet hodnot nad i pod průměrem.

Vzhledem k těmto fyzickým rozdílům v objemu lebky je zřejmé, že se musí lišit i fyzická velikost mozku. To se skutečně potvrzuje, jak dokazují četné studie.

---

[87] „Brain size, IQ, and racial-group differences: Evidence from musculoskeletal traits“, Rushton, J.P. a kol., Intelligence, ročník 31, číslo 2, březen–duben 2003, str. 139–155.

## Geny, které určují velikost a funkci mozku

Například čínská studie z roku 2017[88] zabývající se velikostí mozku zjistila, že protein kódující gen CASC5 (také nazývaný KNL1, lokalizovaný na 15q15.1, chromozom 15) vykazoval několik aminokyselinových mutací. Čtyři z těchto mutací měly „vysokou frekvenci odvozených alel“, které se vyskytují pouze u Východoasijců a které vedly k větší velikosti mozku. Jak studie uvádí, tyto alely vysvětlují „větší objem šedé hmoty u Východoasijců“.

Článek z roku 2016 o fungování oblasti neokortexu v mozku odhalil, že zvětšení velikosti mozku souvisí s vyššími kognitivními schopnostmi.

Studie uvádí, že velikost neokortexu přímo „souvisí se zvýšením počtu funkčně odlišných oblastí neokortexu“ a že „neokortex u lidí je obecně považován za primární sídlo takzvaných vyšších kognitivních funkcí, včetně sebeuvědomění, vědomí, abstraktního uvažování a plánování“.[89]

Jinými slovy, čím větší je mozková kůra, tím vyšší jsou kognitivní schopnosti. Velikost mozkové kůry samozřejmě souvisí s celkovou velikostí mozku.

---

[88] „Regional selection of the brain size regulating gene CASC5 provides new insight into human brain evolution,“ Shi, L. a kol., Human Genetics 136 (2), 1–12, 2017.

[89] „Neocortex expansion is linked to size variations in gene families with chemotaxis, cell-cell signalling and immune response functions in mammals,“ Atahualpa, C. a kol., Open Biology, leden 2016.

Studie z roku 2016 rovněž potvrdila jednoznačnou souvislost mezi objemem lebky – tedy velikostí mozku – a inteligencí.[90]

Studie, jejíž autory je mezinárodní tým vědců z univerzit ve Velké Británii, Austrálii, Německu a USA, zkoumala data z britské biobanky UK Biobank s cílem zjistit „společnou genetickou etiologii kognitivních funkcí, neuropsychiatrických poruch a fyzického zdraví“.

Studie zjistila, že „byly pozorovány vysoce významné souvislosti mezi výsledky kognitivních testů ve vzorku UK Biobank a mnoha skóremi polygenních profilů, včetně ... indexu tělesné hmotnosti, intrakraniálního objemu, obvodu hlavy kojence a kognitivních schopností v dětství“.

Studie dospěla k závěru, že „genetické souvislosti mezi obvodem hlavy kojence a objemem lebky na jedné straně a dosaženým vzděláním a verbálně-numerickým uvažováním na straně druhé jsou samy o sobě důležité, stejně jako mnoho dalších souvislostí mezi kognitivním a duševním zdravím a kognitivním a fyzickým zdravím“.[91]

## Geny, které určují inteligenci

V rámci studie z roku 2012 identifikoval mezinárodní tým vědců geny, které ovlivňují rozdíly ve velikosti mozku a inteligenci.[92] Zjistili, že varianta genu zvaného HMGA2

---

[90] „Shared genetic aetiology between cognitive functions and physical and mental health in UK Biobank (N=112 151) and 24 GWAS consortia“, S. P. Hagenaars a kol., Molecular Psychiatry, svazek 21, str. 1624–1632 (2016).

[91] Tamtéž.

[92] „Identification of common variants associated with human hippocampal and intracranial volumes“, Stein, J. L., Nature Genetics, svazek 44, str. 552–561 (2012).

(nacházejícího se na pozici 12q14.3 na chromozomu 12, SNP rs10784502) ovlivňuje velikost mozku i inteligenci dané osoby.

Jak médiím vysvětlil autor studie Paul Thompson[93], DNA se skládá ze čtyř bází: A, C, T a G. Lidé, u nichž gen HMGA2 obsahoval na daném místě písmeno „C“ namísto „T“, měli větší mozek a dosáhli lepších výsledků ve standardizovaných testech IQ.

„Jedná se o opravdu vzrušující objev: že pouhá změna jediného písmene vede k většímu mozku,“ řekl Thompson. „Našli jsme poměrně jednoznačný důkaz potvrzující genetickou souvislost s mozkovou funkcí a inteligencí. Poprvé máme nezvratný důkaz o tom, jak tyto geny ovlivňují mozek. To nám poskytuje nové podněty k tomu, jak jejich vliv mediovat.[94]

Ve studii z roku 2017, do které bylo zapojeno 78 308 osob[95], vědci identifikovali 336 asociovaných SNP v 18 genomových lokusech, které „souvisí s utvářením inteligence“. Polovina takto identifikovaných SNP se nachází uvnitř genu, „což naznačuje zapojení 22 genů“, a další analýza odhalila dalších 30 genů, které rovněž hrají roli při formování inteligence. Tyto geny se exprimují v mozkové tkáni a „poskytují nový vhled do genetické architektury inteligence“.[96] Dále se uvádí, že SNP s „nejvýraznější nově zjištěnou souvislostí s inteligencí“ je rs2490272 (nacházející se na pozici

[93] „New genes linked to brain size, intelligence“, ScienceDaily, 15. dubna 2012.
[94] Tamtéž.
[95] „Genome-wide association meta-analysis of 78,308 individuals identifies new loci and genes influencing human intelligence“, Sniekers S., Nature Genetics, svazek 49, č. 7, červenec 2017.
[96] Tamtéž.

6q21 na chromozomu 6) v intronové oblasti genu FOXO3. V tabulce 1 této studie s názvem „Genomické lokusy a hlavní SNP spojené s inteligencí“ je uvedeno 18 SNP a jejich polohy, a to následovně:

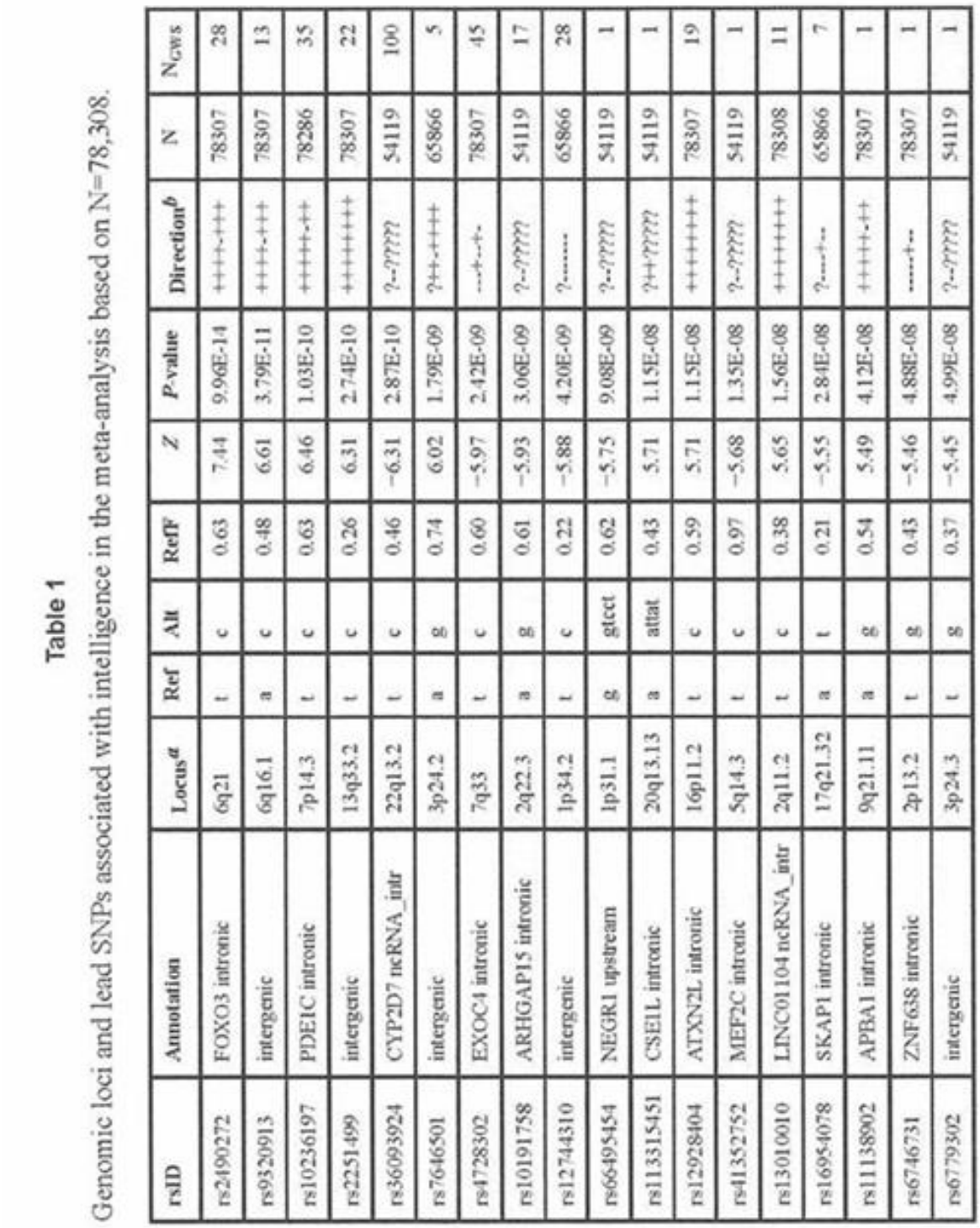


Table 1

Genomic loci and lead SNPs associated with intelligence in the meta-analysis based on N=78,308.

| rsID | Annotation | Locus[a] | Ref | Alt | RefF | Z | P-value | Direction[b] | N | $N_{GWS}$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| rs2490272 | FOXO3 intronic | 6q21 | t | c | 0.63 | 7.44 | 9.96E-14 | ++++-+++ | 78307 | 28 |
| rs9320913 | intergenic | 6q16.1 | a | c | 0.48 | 6.61 | 3.79E-11 | ++++-+++ | 78307 | 13 |
| rs10236197 | PDE1C intronic | 7p14.3 | t | c | 0.63 | 6.46 | 1.03E-10 | +++++-++ | 78286 | 35 |
| rs2251499 | intergenic | 13q33.2 | t | c | 0.26 | 6.31 | 2.74E-10 | ++++++++ | 78307 | 22 |
| rs36093924 | CYP2D7 ncRNA_intr | 22q13.2 | t | c | 0.46 | −6.31 | 2.87E-10 | ?-????? | 54119 | 100 |
| rs7646501 | intergenic | 3p24.2 | a | g | 0.74 | 6.02 | 1.79E-09 | ?++-++++ | 65866 | 5 |
| rs4728302 | EXOC4 intronic | 7q33 | t | c | 0.60 | −5.97 | 2.42E-09 | ---+--+- | 78307 | 45 |
| rs10191758 | ARHGAP15 intronic | 2q22.3 | a | g | 0.61 | −5.93 | 3.06E-09 | ?--????? | 54119 | 17 |
| rs12744310 | intergenic | 1p34.2 | t | c | 0.22 | −5.88 | 4.20E-09 | ?------ | 65866 | 28 |
| rs66495454 | NEGR1 upstream | 1p31.1 | g | gtcct | 0.62 | −5.75 | 9.08E-09 | ?--????? | 54119 | 1 |
| rs113315451 | CSE1L intronic | 20q13.13 | a | attat | 0.43 | 5.71 | 1.15E-08 | ?++????? | 54119 | 1 |
| rs12928404 | ATXN2L intronic | 16p11.2 | t | c | 0.59 | 5.71 | 1.15E-08 | ++++++++ | 78307 | 19 |
| rs41352752 | MEF2C intronic | 5q14.3 | t | c | 0.97 | −5.68 | 1.35E-08 | ?--????? | 54119 | 1 |
| rs13010010 | LINC01104 ncRNA_intr | 2q11.2 | t | c | 0.38 | 5.65 | 1.56E-08 | ++++++++ | 78308 | 11 |
| rs16954078 | SKAP1 intronic | 17q21.32 | a | t | 0.21 | −5.55 | 2.84E-08 | ?----+-- | 65866 | 7 |
| rs11138902 | APBA1 intronic | 9q21.11 | a | g | 0.54 | 5.49 | 4.12E-08 | +++++-++ | 78307 | 1 |
| rs6746731 | ZNF638 intronic | 2p13.2 | t | g | 0.43 | −5.46 | 4.88E-08 | -----+-- | 78307 | 1 |
| rs6779302 | intergenic | 3p24.3 | t | g | 0.37 | −5.45 | 4.99E-08 | ?--????? | 54119 | 1 |

Ve studii z roku 2018 několik předních behaviorálních genetiků potvrdilo, že inteligence je geneticky podmíněná – a že testovací sady na stanovení IQ pomocí DNA budou brzy k dispozici, podobně jako je tomu již nyní u testů DNA na určení předků.[97]

Jak uvádí časopis MIT Technology Review vydávaný Massachusettským technologickým institutem (MIT), „genetické studie dosáhly konečně takového rozsahu – a tím pádem i takového vlivu –, že se mohou zaměřit na genetické rozdíly spojené s IQ.“

S výsledky testů IQ je nyní spojeno více než pět set genů a „výsledky experimentu, který porovnává DNA jednoho milionu lidí s jejich akademickými úspěchy, by měly být zveřejněny každým dnem.“

S odvoláním na Roberta J. Plomina, amerického psychologa a genetika známého především svou prací v oblasti studií dvojčat a behaviorální genetiky, MIT Technology Review uvedl, že nové objevy „znamenají, že nyní můžeme analyzovat DNA malého dítěte a získat představu o tom, jak inteligentní bude“.

Plomin nastínil scénář testování IQ pomocí DNA v lednu 2018 v článku s názvem „The New Genetics of Intelligence“[98], v němž argumentoval, že rodiče budou využívat testy dostupné přímo spotřebitelům k předpovídání mentálních schopností dětí

[97] „DNA tests for IQ are coming, but it might not be smart to take one,“ Antonio Regalado, MIT Technology Review, 2. dubna 2018.
[98] „The new genetics of intelligence“, Robert Plomin a Sophie von Stumm, Nature Reviews Genetics, svazek 19, str. 148–159, 8. ledna 2018.

a volbě školy, což je koncept, který nazývá precizní vzděláváním.

Závěr všech těchto studií – a je jich mnohem více – je, že geny určují velikost a strukturu mozku a inteligenci.

Nyní je třeba odpovědět na dvě otázky:

- 1. Jak přesně tyto konkrétní geny „vytvářejí inteligenci“? a
- 2. V čem se geny u jednotlivých ras „liší“, že vedou k rozdílům v IQ, o nichž jsme se zmínili dříve v této kapitole?

## Rasové rozdíly v genetice, které způsobují rasové rozdíly v inteligenci

Odpověď na obě tyto otázky lze najít v důležité studii z roku 2018[99] a v porovnání výsledků této studie s databázemi projektu „The 1000 Genomes Project“ (Projekt 1000 genomů).[100]

Tento projekt, který byl zahájen v roce 2008 a dokončen v roce 2015, představoval mezinárodní výzkumné úsilí zaměřené na vytvoření podrobného katalogu genetické variability člověka.

„Projekt 1000 genomů“ využívá přidružený prohlížeč databáze známý jako „Ensembl“, který uživatelům umožňuje získat grafické znázornění SNP a jejich četnosti v pěti různých

[99] „Gene discovery and polygenic prediction from a genome-wide association study of educational attainment in 1.1 million individuals“, Lee, J.J., Nature Genetics, svazek 50, str. 1112–1121 (2018).
[100] Projekt „The 1000 Genomes Project“ a jeho databáze jsou k dispozici online na adrese internationalgenome.org.

populačních skupinách: Afričanech, Američanech (amerických indiánech), Východoasijcích, Evropanech a Jihoasijcích.[101]

Studii z roku 2018 provedl mezinárodní tým vědců ze Spojených států, Nizozemska, Rakouska, Austrálie, Belgie, Itálie, Finska, Spojeného království, Německa, Švýcarska, Saúdské Arábie, Islandu, Řecka, Švédska, Číny, Estonska, Singapuru, Dánska, Kataru a Francie; dále se na ní podílely týmy společnosti zabývající se testováním DNA 23andMe a konsorcia COGENT (Cognitive Genomics Consortium).

Tato rozsáhlá skupina dokázala shromáždit DNA od více než 1,1 milionu testovaných osob z celého světa. Vědci poté provedli náročnou „rozsáhlou genetickou asociační analýzu dosaženého vzdělání“ a schopností, přičemž využili data od společnosti 23andMe o schopnostech v matematice a dalších vysoce kognitivních činnostech, které účastníci sami uvedli.[102] Porovnáním analýzy SNP každého jedince s jeho dosaženým vzděláním a kognitivními schopnostmi byli vědci schopni identifikovat seznam „genomově významných SNP“ jak v genech, tak v X chromozomech, které jsou všechny „zapojeny do procesů vývoje mozku a komunikace mezi neurony“.[103]

Vědci celkem identifikovali 1 281 SNP, z toho 10 na chromozomu X, které byly společné pro úspěšné a inteligentní jedince v jejich datovém souboru.

Na základě toho pak dokázali sestavit rovnici, která by pouze na základě identifikovaných SNP dokázala předpovědět,

[101] Genový prohlížeč spojený s projektem „The 1000 Genomes Project“, nazvaný „Ensembl“, je k dispozici online na adrese ensembl.org.
[102] Lee, J.J., Nature Genetics, op. cit.
[103] Tamtéž.

zda bude daný jedinec vysoce inteligentní, či nikoli. SNP byly rozděleny do kategorií, jako například „366 nezávislých SNP, které dosáhly genomové významnosti nejvyšší matematické třídy“ a tak dále.

Jelikož vědci byli schopni identifikovat konkrétní SNP, mohli také přesně uvést, které nukleobáze (adenin, „A“; cytosin, „C“; guanin, „G“; a tymin, „T“) se podílely na reakci SNP.

(Z druhé kapitoly této knihy si jistě vzpomenete, že SNP jsou spojovacími body mezi oběma stranami „zkrouceného žebříku“ – šroubovice) DNA.

Tímto způsobem je například jeden ze SNP spojených s pokročilými matematickými schopnostmi, rs9556702[104] (nacházející se v genu MBNL2, lokalizovaném na 13:97337467, chromozom 13), charakterizován spojením nukleobází A a G.

Tyto SNP se dělí na alely typu „A“ a „G“. Pokud má jedinec alelu typu „A“ (v tomto případě „nitronovou variantu“), je pravděpodobné, že bude mít vyšší matematické schopnosti – a kdokoli, kdo má alelu typu „G“, nebude v matematických schopnostech tak pokročilý.

[104] Doplňková tabulka 11. Výsledky asociace pro 618 nezávislých SNP, které dosáhly genomové statistické významnosti ($P < 5\times10\text{-}8$) v rámci GWAS matematických schopností (na základě vlastního hodnocení), v článku „Gene discovery and polygenic prediction from a genome-wide association study of educational attainment in 1.1 million individuals“, Lee, J.J., Nature Genetics, op. cit.

*Rozložení alely „A“ u intronové varianty SNP rs9556702 v pěti rasových skupinách, jak ukazuje genový prohlížeč „Ensembl“*

*konsorcia 1000 Genomes. Legenda k výsečovým grafům: AFR = Afričané, AMR = Američané (Amerindové), EAS = Východoasijci, EUR = Evropané, SAS = Jihoasijci.*

Stejný scénář se opakuje (samozřejmě s jinými nukleobázemi) u každého dalšího SNP identifikovaného v této studii.

**Geny ovlivňující inteligenci se liší podle rasového rozložení**

Podle genového prohlížeče Ensembl se alela „A“ u SNP rs9556702 vyskytuje pouze u 36 procent světové populace.

Jedná se o nízké číslo, ale při rozčlenění do pěti rasových skupin, které Ensembl používá, se objevuje výrazně odlišný obraz:

- Afričané – pouze 7 procent má alelu „A“.
- Američané (Amerindové) – pouze 38 procent má alelu „A“.[105]
- Východoasijci – 49 procent má alelu „A“.
- Evropané – 53 procent má alelu „A“.
- Jihoasijci – 49 procent má alelu „A“.

Jinými slovy: varianta intronu s alelou „A“ se vyskytuje 178krát častěji u Evropanů než u Afričanů a v asijských a příbuzných populacích je tento poměr jen nepatrně nižší.

Důsledky nerovnoměrného rozložení SNP souvisejících s inteligencí jsou závažné: znamenají, že rasové skupiny, u nichž

[105] Je třeba připomenout, že dnešní Amerindové pocházejí nejen z východní Asie, ale mají také evropské předky.

se tyto geny vyskytují v vyšší míře, budou v průměru disponovat vyšší inteligencí než ty, u nichž tomu tak není.

## Seznam nejdůležitějších genů ovlivňujících inteligenci – a jejich nerovnoměrné rozložení mezi rasami

Následuje tabulka SNP, které byly jednoznačně spojeny s mozkovou funkcí, jak je podrobně popsáno ve výše uvedené studii Nature Genetics z roku 2018. Tyto SNP byly poté vzájemně korelovány s četností výskytu ve třech rasových skupinách, jak je definuje „The 1000 Genome Consortium“ a v databázi Ensembl.

| SNP | % European | % African | % European vs African | % Asian | % Asian vs African | Percentage by which Europeans are *more likely* to have this gene than Africans |
|---|---|---|---|---|---|---|
| rs8056960(C) | 56 % | 13 % | 336 % | 81 % | 527 % | 336 % |
| rs9309922(T) | 81 % | 39 % | 108 % | 100 % | 158 % | 108 % |
| rs9328534(T) | 68 % | 25 % | 176 % | 57 % | 130 % | 176 % |
| rs9387711(T) | 57 % | 24 % | 138 % | 47 % | 95 % | 139 % |
| rs9388490(T) | 44 % | 20 % | 121 % | 98 % | 392 % | 121 % |
| rs9397806(A) | 35 % | 17 % | 113 % | 30 % | 78 % | 113 % |
| rs9513780(T) | 47 % | 13 % | 261 % | 36 % | 172 % | 261 % |
| rs9556702(A) | 53 % | 3 % | 1641 % | 49 % | 1516 % | 1639 % |
| rs9607805(T) | 70 % | 30 % | 136 % | 43 % | 44 % | 136 % |
| rs9611186(G) | 61 % | 28 % | 119 % | 82 % | 194 % | 119 % |
| rs9682919(A) | 64 % | 19 % | 233 % | 75 % | 293 % | 233 % |
| rs9889827(T) | 68 % | 23 % | 201 % | 59 % | 160 % | 201 % |
| rs9933476(G) | 52 % | 15 % | 260 % | 74 % | 409 % | 260 % |
| rs10057590(A) | 47 % | 18 % | 164 % | 27 % | 49 % | 164 % |
| rs10078630(A) | 56 % | 11 % | 388 % | 42 % | 265 % | 389 % |
| rs10124571(T) | 38 % | 10 % | 286 % | 43 % | 337 % | 286 % |
| rs10205421(G) | 35 % | 8 % | 337 % | 29 % | 263 % | 338 % |
| rs10233848(A) | 68 % | 28 % | 142 % | 46 % | 63 % | 142 % |
| rs10401883(T) | 69 % | 34 % | 106 % | 44 % | 30 % | 106 % |
| rs10402747(T) | 53 % | 16 % | 227 % | 88 % | 440 % | 227 % |
| rs10411958(T) | 49 % | 20 % | 144 % | 32 % | 60 % | 144 % |
| rs10432638(A) | 35 % | 3 % | 1272 % | 65 % | 2439 % | 1274 % |
| rs10476217(G) | 83 % | 31 % | 163 % | 48 % | 51 % | 163 % |
| rs10740140(A) | 46 % | 11 % | 316 % | 57 % | 416 % | 316 % |
| rs10786832(T) | 40 % | 14 % | 195 % | 70 % | 415 % | 196 % |
| rs10821080(T) | 49 % | 9 % | 439 % | 52 % | 471 % | 439 % |
| rs10821977(A) | 55 % | 8 % | 558 % | 82 % | 887 % | 559 % |
| rs10863246(A) | 35 % | 7 % | 387 % | 57 % | 699 % | 387 % |
| rs10889949(T) | 57 % | 26 % | 115 % | 67 % | 154 % | 115 % |
| rs10953137(G) | 47 % | 20 % | 130 % | 39 % | 94 % | 130 % |
| rs11125721(A) | 39 % | 3 % | 1434 % | 15 % | 471 % | 1437 % |
| rs11192147(A) | 47 % | 16 % | 188 % | 66 % | 308 % | 188 % |

| SNP | % European | % African | % European vs African | % Asian | % Asian vs African | Percentage by which Europeans are *more likely* to have this gene than Africans |
|---|---|---|---|---|---|---|
| rs11210394(T) | 35 % | 3 % | 960 % | 72 % | 2066 % | 960 % |
| rs11576565(A) | 52 % | 4 % | 1132 % | 35 % | 719 % | 113 % |
| rs11685902(T) | 53 % | 13 % | 318 % | 42 % | 228 % | 318 % |
| rs11768845(T) | 63 % | 20 % | 210 % | 42 % | 110 % | 210 % |
| rs11775314(T) | 36 % | 7 % | 442 % | 50 % | 667 % | 443 % |
| rs11793831(T) | 43 % | 10 % | 350 % | 48 % | 397 % | 350 % |
| rs11864066(G) | 57 % | 11 % | 420 % | 78 % | 610 % | 421 % |
| rs12136092(A) | 61 % | 7 % | 799 % | 35 % | 413 % | 799 % |
| rs12146618(T) | 42 % | 9 % | 358 % | 24 % | 163 % | 359 % |
| rs12208753(A) | 54 % | 21 % | 158 % | 45 % | 112 % | 158 % |
| rs12404086(T) | 60 % | 7 % | 798 % | 35 % | 415 % | 797 % |
| rs12491181(T) | 46 % | 5 % | 830 % | 46 % | 827 % | 830 % |
| rs12548560(A) | 71 % | 35 % | 100 % | 77 % | 116 % | 100 % |
| rs12567360(A) | 47 % | 17 % | 183 % | 49 % | 194 % | 183 % |
| rs12701207(T) | 65 % | 26 % | 154 % | 47 % | 83 % | 154 % |
| rs12712784(T) | 39 % | 5 % | 718 % | 6 % | 27 % | 718 % |
| rs12773994(T) | 62 % | 30 % | 107 % | 12 % | -59 % | 107 % |
| rs12799722(A) | 37 % | 15 % | 147 % | 21 % | 40 % | 148 % |
| rs12814021(T) | 55 % | 19 % | 187 % | 52 % | 172 % | 187 % |
| rs12919084(T) | 48 % | 14 % | 237 % | 37 % | 163 % | 236 % |
| rs13004882(T) | 43 % | 2 % | 2166 % | 17 % | 794 % | 2165 % |
| rs13019313(A) | 61 % | 25 % | 145 % | 39 % | 56 % | 145 % |
| rs13071190(T) | 69 % | 18 % | 289 % | 47 % | 165 % | 289 % |
| rs13116036(T) | 47 % | 2 % | 2713 % | 6 % | 286 % | 2719 % |
| rs13270346(A) | 34 % | 2 % | 2173 % | 9 % | 488 % | 2178 % |
| rs13413443(T) | 38 % | 3 % | 1392 % | 9 % | 250 % | 1394 % |
| rs13428598(T) | 37 % | 7 % | 415 % | 0 % | -97 % | 417 % |
| rs16950305(G) | 83 % | 42 % | 100 % | 92 % | 120 % | 100 % |
| rs17048855(A) | 35 % | 5 % | 595 % | 47 % | 847 % | 595 % |
| rs17106817(T) | 72 % | 29 % | 145 % | 91 % | 211 % | 145 % |
| rs17266097(T) | 39 % | 3 % | 1217 % | 18 % | 507 % | 1218 % |
| rs17608413(T) | 45 % | 22 % | 109 % | 47 % | 116 % | 109 % |

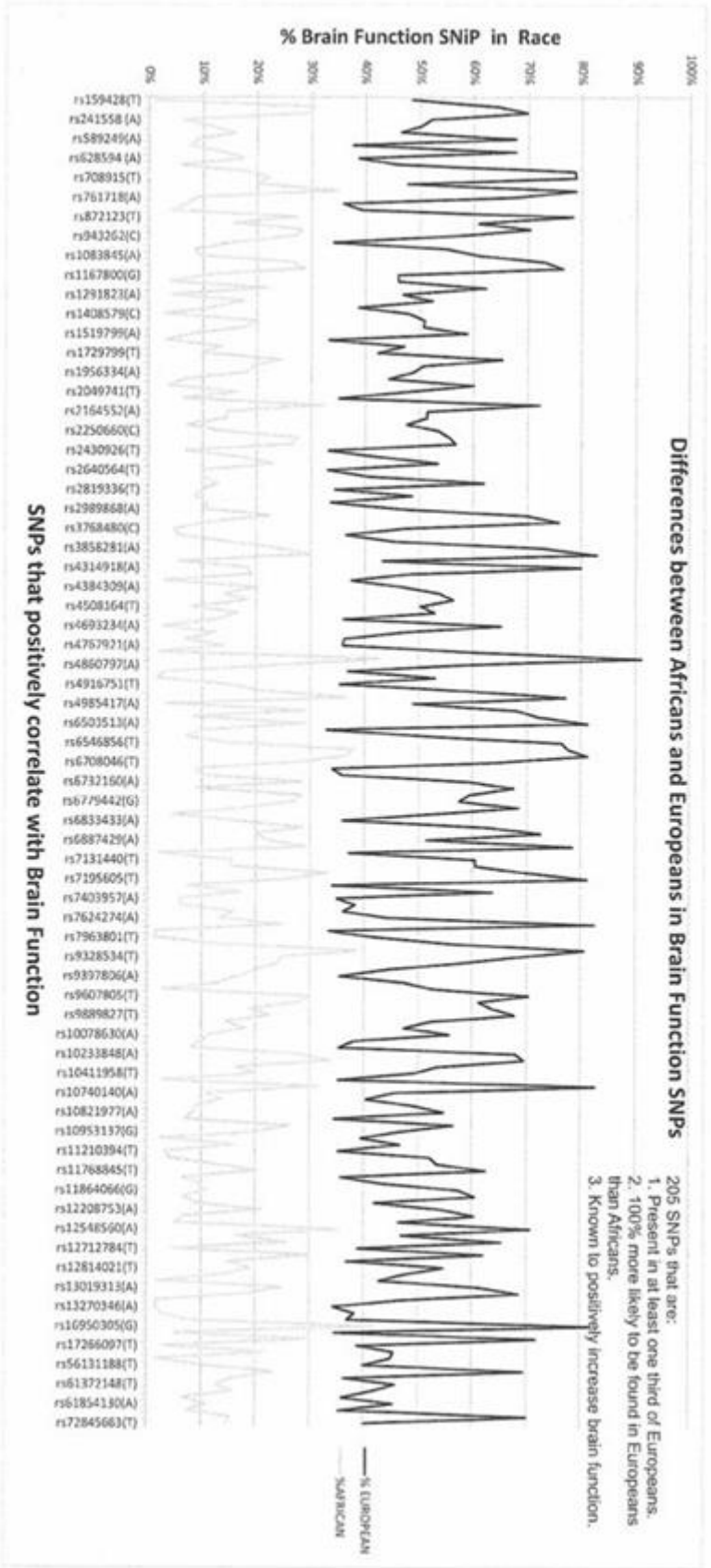
| SNP | % European | % African | % European vs African | % Asian | % Asian vs African | Percentage by which Europeans are *more likely* to have this gene than Africans |
|---|---|---|---|---|---|---|
| rs34389480(A) | 45 % | 2 % | 2600 % | 20 % | 1124 % | 2605 % |
| rs56131188(T) | 40 % | 10 % | 306 % | 0 % | -99 % | 307 % |
| rs56146203(A) | 69 % | 24 % | 195 % | 60 % | 156 % | 195 % |
| rs59692040(T) | 36 % | 16 % | 129 % | 25 % | 60 % | 130 % |
| rs61372148(T) | 46 % | 13 % | 260 % | 59 % | 360 % | 260 % |
| rs61527214(A) | 42 % | 16 % | 163 % | 64 % | 304 % | 164 % |
| rs61816194(T) | 36 % | 6 % | 466 % | 15 % | 135 % | 467 % |
| rs61854130(A) | 45 % | 11 % | 319 % | 58 % | 440 % | 319 % |
| rs62383977(T) | 35 % | 7 % | 387 % | 43 % | 487 % | 388 % |
| rs66493370(A) | 70 % | 15 % | 358 % | 47 % | 209 % | 358 % |
| rs72845663(T) | 40 % | 15 % | 174 % | 22 % | 54 % | 176 % |

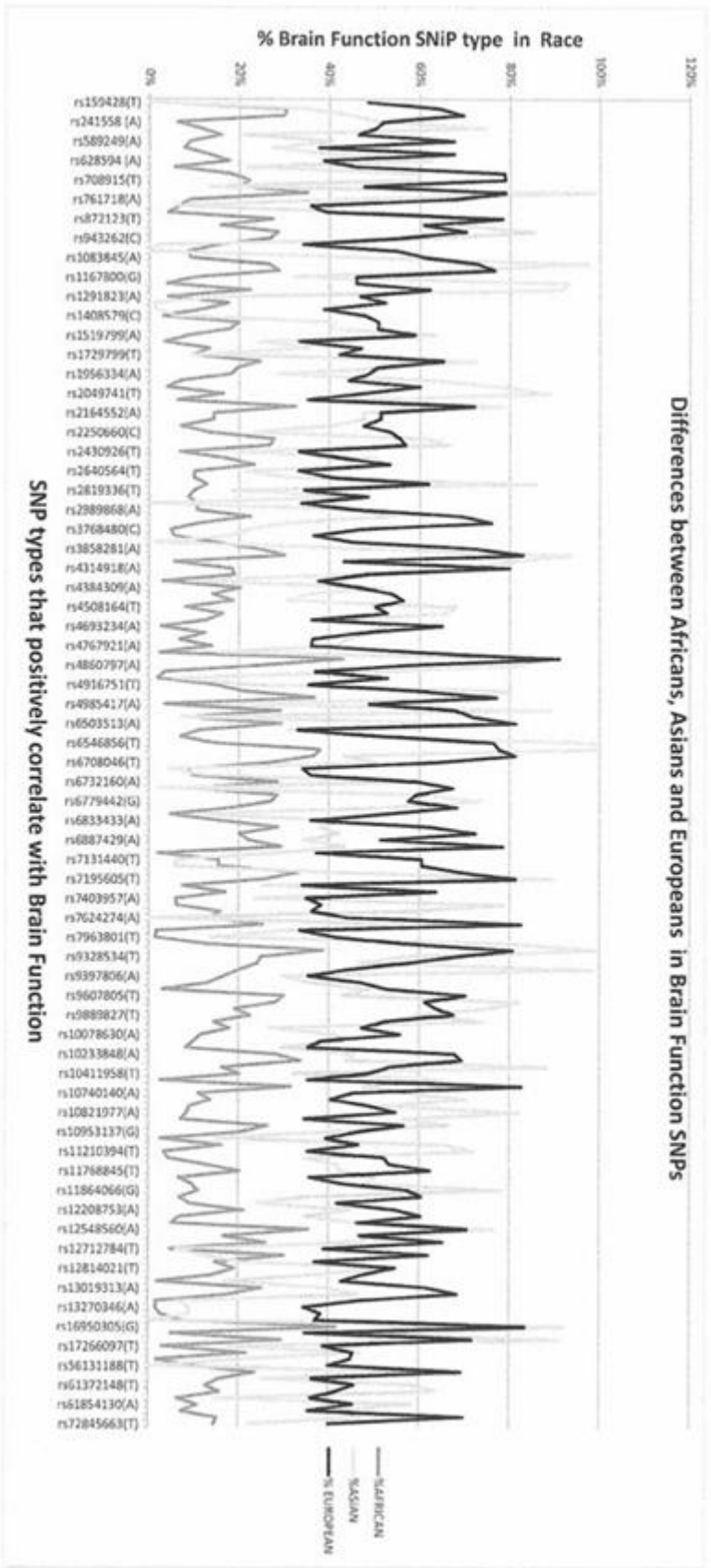
*Poznámka: Toto je pouze neúplný seznam.*

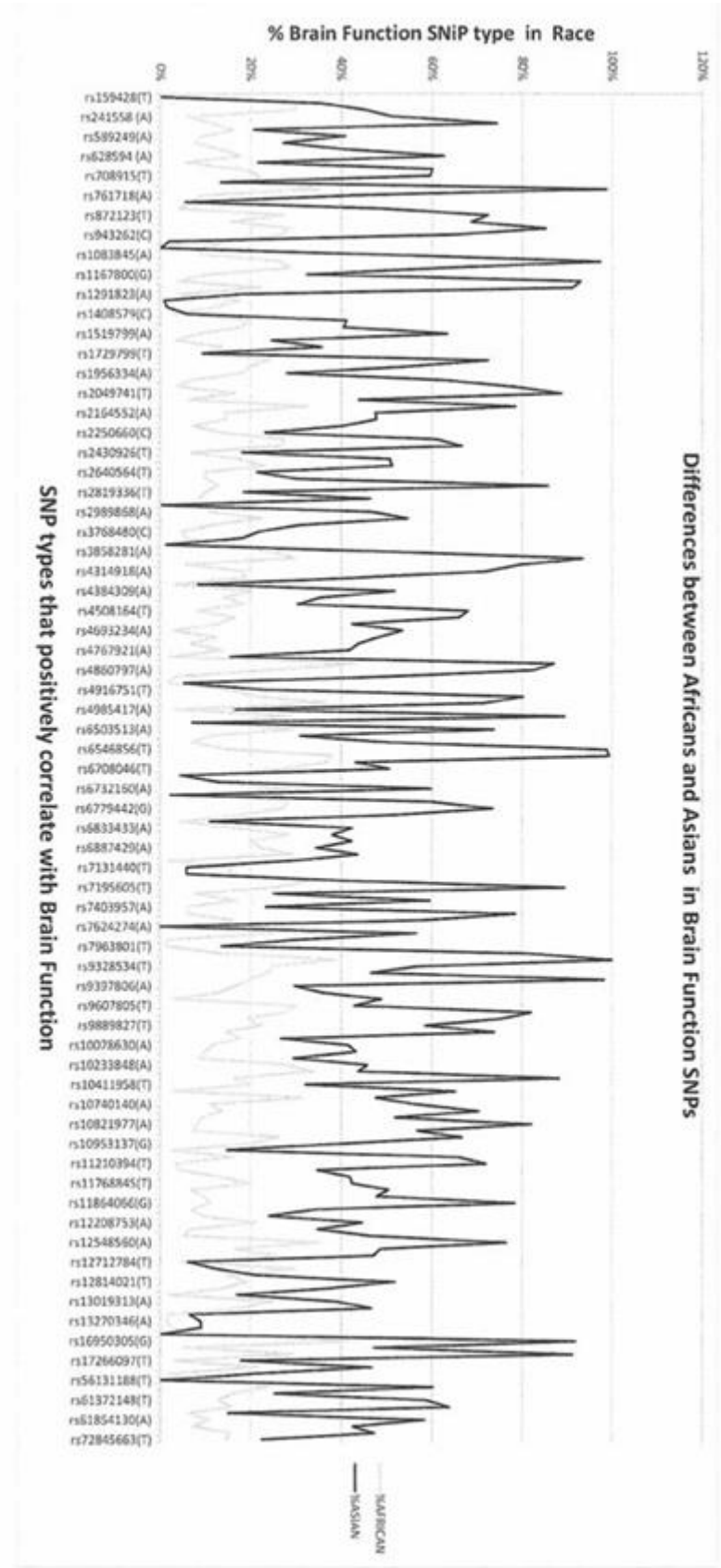
Na následujících třech stránkách jsou některé z výše uvedených výsledků prezentovány v grafické podobě. Z nich jsou rozdíly v distribuci SNP souvisejících s inteligencí ještě zřetelnější:

Existuje řada dalších příkladů této velmi rozmanité distribuce genů, SNP a alel spojených s inteligencí, které všechny dokonale korespondují s hodnotami IQ, jak bylo nastíněno na začátku této kapitoly.

Je pravděpodobné, že s postupem času se objeví ještě další genetické souvislosti s inteligencí a rozdíly podle rasy, ale vědecké důkazy již jasně a nezvratně dokazují, že inteligence je genetická, a tudíž dědičná.


% Brain Function SNiP in Race
0%
10%
20%
30%
40%
50%
60%
70%
80%
90%
100%
rs159428(T)
rs241558 (A)
rs589249(A)
rs628594 (A)
rs708915(T)
rs761718(A)
rs872123(T)
rs943262(C)
rs1083845(A)
rs1167800(G)
rs1291823(A)
rs1408579(C)
rs1519799(A)
rs1729799(T)
rs1956334(A)
rs2049741(T)
rs2164552(A)
rs2250660(C)
rs2430926(T)
rs2640564(T)
rs2819336(T)
rs2989868(A)
rs3768480(C)
rs3858281(A)
rs4314918(A)
rs4384309(A)
rs4508164(T)
rs4693234(A)
rs4767921(A)
rs4860797(A)
rs4916751(T)
rs4985417(A)
rs6503513(A)
rs6546856(T)
rs6708046(T)
rs6732160(A)
rs6779442(G)
rs6833433(A)
rs6887429(A)
rs7131440(T)
rs7195605(T)
rs7403957(A)
rs7624274(A)
rs7963801(T)
rs9328534(T)
rs9397806(A)
rs9607805(T)
rs9889827(T)
rs10078630(A)
rs10233848(A)
rs10411958(T)
rs10740140(A)
rs10821977(A)
rs10953137(G)
rs11210394(T)
rs11768845(T)
rs11864066(G)
rs12208753(A)
rs12548560(A)
rs12712784(T)
rs12814021(T)
rs13019313(A)
rs13270346(A)
rs10950305(G)
rs17266097(T)
rs56131188(T)
rs61372148(T)
rs6185413(A)
rs72845683(T)
SNPs that positively correlate with Brain Function
Differences between Africans and Europeans in Brain Function SNPs
205 SNPs that are:
1. Present in at least one third of Europeans.
2. 100% more likely to be found in Europeans than Africans.
3. Known to positively increase brain function.
% EUROPEAN
%AFRICAN


% Brain Function SNiP type in Race
Differences between Africans, Asians and Europeans in Brain Function SNPs
SNP types that positively correlate with Brain Function
0%
20%
40%
60%
80%
100%
120%
rs159428(T)
rs241558 (A)
rs589249(A)
rs628594 (A)
rs708915(T)
rs761718(A)
rs872123(T)
rs943262(C)
rs1083845(A)
rs1167800(G)
rs1291823(A)
rs1408579(C)
rs1519799(A)
rs1729799(T)
rs1956334(A)
rs2049741(T)
rs2164552(A)
rs2250660(C)
rs2430926(T)
rs2640564(T)
rs2819336(T)
rs2989868(A)
rs3768480(C)
rs3858281(A)
rs4314918(A)
rs4384309(A)
rs4508164(T)
rs4693234(A)
rs4767921(A)
rs4860797(A)
rs4916751(T)
rs4985417(A)
rs6503513(A)
rs6546856(T)
rs6708046(T)
rs6732160(A)
rs6779442(G)
rs6833433(A)
rs6887429(A)
rs7131440(T)
rs7195605(T)
rs7403957(A)
rs7624274(A)
rs7963801(T)
rs9328534(T)
rs9397806(A)
rs9607805(T)
rs9889827(T)
rs10078630(A)
rs10233848(A)
rs10411958(T)
rs10740140(A)
rs10821977(A)
rs10953137(G)
rs11210394(T)
rs11768845(T)
rs11864066(G)
rs12208753(A)
rs12548560(A)
rs12712784(T)
rs12814021(T)
rs13019313(A)
rs13270346(A)
rs16950305(G)
rs17266097(T)
rs56131188(T)
rs61372148(T)
rs61854130(A)
rs72845663(T)
%AFRICAN
%ASIAN
% EUROPEAN


% Brain Function SNiP type in Race
0%
20%
40%
60%
80%
100%
120%
rs159428(T)
rs241558 (A)
rs589249(A)
rs628594 (A)
rs708915(T)
rs761718(A)
rs872123(T)
rs943262(C)
rs1083845(A)
rs1167800(G)
rs1291823(A)
rs1408579(C)
rs1519799(A)
rs1729799(T)
rs1956334(A)
rs2049741(T)
rs2164552(A)
rs2250660(C)
rs2430926(T)
rs2640564(T)
rs2819336(T)
rs2989868(A)
rs3768480(C)
rs3858281(A)
rs4314918(A)
rs4384309(A)
rs4508164(T)
rs4693234(A)
rs4767921(A)
rs4860797(A)
rs4916751(T)
rs4985417(A)
rs6503513(A)
rs6546856(T)
rs6708046(T)
rs6732160(A)
rs6779442(G)
rs6833433(A)
rs6887420(A)
rs7131440(T)
rs7195605(T)
rs7403957(A)
rs7624274(A)
rs7963801(T)
rs9328534(T)
rs9337806(A)
rs9607805(T)
rs9889827(T)
rs10078630(A)
rs10233848(A)
rs10411958(T)
rs10740140(A)
rs10821977(A)
rs10958137(G)
rs11210394(T)
rs11768845(T)
rs11864066(G)
rs12208753(A)
rs12548560(A)
rs12712784(T)
rs12814021(T)
rs13019313(A)
rs13270346(A)
rs16950305(G)
rs17266097(T)
rs56131188(T)
rs61372148(T)
rs61854130(A)
rs72845663(T)
SNP types that positively correlate with Brain Function
Differences between Africans and Asians in Brain Function SNPs
%ASIAN
%AFRICAN

## Geny, které určují rasové rozdíly v psychologii

Podle Americké psychologické asociace „psychologové zkoumají vztahy mezi fungováním mozku a chováním, jakož i mezi prostředím a chováním, a získané poznatky využívají k prohloubení našeho porozumění a ke zlepšení světa kolem nás.“[106]

Z hlediska této studie je klíčovou součástí této definice „vztah mezi funkcí mozku a chováním“.

Jak bylo diskutováno v předchozí kapitole, fyzická struktura a velikost lidského mozku se liší podle rasy a tyto rozdíly mají genetický původ.

Jelikož mozek funguje tak, že vysílá a přijímá chemické a elektrické signály po celém těle, je zřejmé, že jeho struktura a chemické složení jsou nedílnou součástí jeho fungování – a protože tyto vlastnosti mají fyzický původ a jsou dědičné, budou ovlivněny také geny.

To zase ovlivní chování a „psychologii“ – přičemž oba tyto atributy jsou pouze produktem geneticky determinovaných chemických reakcí v mozku. Nemělo by proto být žádným překvapením – i když to popírači rasových rozdílů ostře zpochybňují – že rasa bude hrát roli i v chování, resp. psychologii.

### Genetické základy schizofrenie

Jedním z nejlepších příkladů je duševní onemocnění známé jako schizofrenie.

---

[106] Věda o psychologii, Americká psychologická asociace, apa.org/education-career/guide/science.

Podle oficiální definice vydané Národním institutem duševního zdraví (NIMH) americké vlády je schizofrenie „závažná duševní porucha, při níž lidé vnímají realitu abnormálním způsobem. Schizofrenie se může projevovat kombinací halucinací, bludů a extrémně narušeného myšlení a chování, které omezují každodenní fungování a mohou vést k invaliditě.“[107]

NIMH dále uvádí, že příčina schizofrenie spočívá v „rozdílech ve struktuře a funkci mozku a v interakcích mezi chemickými posly (tzv. neurotransmitery)“.

NIMH dále uvádí, že „u lidí se schizofrenií se vyskytují rozdíly v objemu konkrétních částí mozku, ve způsobu, jakým jsou jednotlivé oblasti mozku propojeny a spolupracují, a v neurotransmiteru, jako je dopamin“.[108] Ještě významnější je, že NIMH uvádí, že psychotické epizody se nejčastěji vyskytují u „lidí, kteří jsou geneticky náchylní“.

Až do příchodu moderních genetických studií bylo známo pouze to, že schizofrenie se zdála být dědičná, nebo „se vyskytovala v rodinách“. Genetická složka schizofrenie však byla potvrzena v roce 2014 zprávou v časopise Molecular Psychiatry:

„Již dlouho je známo, že generalizované deficity kognitivních schopností představují klíčovou složku

[107] „Schizophrenia“, Národní institut duševního zdraví (NIMH), květen 2020.
[108] Tamtéž.

schizofrenie (SCZ), která je patrná ještě před plným nástupem nemoci a je nezávislá na medikaci.“[109]

„Možnost genetického překrývání mezi rizikem vzniku schizofrenie a kognitivními fenotypy naznačuje výskyt kognitivních deficitů u příbuzných prvního stupně pacientů se schizofrenií; až donedávna však chyběly molekulárně genetické přístupy k ověření tohoto překrývání. V posledních několika letech rozsáhlé studie asociace celého genomu (GWAS) u SCZ prokázaly, že podstatnou část dědičnosti tohoto onemocnění lze vysvětlit polygenní složkou sestávající z mnoha běžných jednonukleotidových polymorfismů (SNP) s extrémně malým účinkem.“[110]

Studie z roku 2017 publikovaná v časopise Schizophrenia Bulletin rovněž poukázala na to, že „existují důkazy o genetickém překrývání mezi kognitivními schopnostmi a schizofrenií (SCZ) a studie celogenomové asociace (GWAS) ukazují, že jak SCZ, tak obecné kognitivní schopnosti mají silnou polygenní složku s mnoha jednonukleotidovými polymorfismy (SNP), z nichž každý má jen malý vliv.“[111]

Studie z roku 2018, publikovaná v časopise Scandinavian Journal of Psychology, na to jednoznačně poukázala a zároveň jasně identifikovala geny spojené s inteligencí.[112] Studie

---

[109] „Molecular genetic evidence for overlap between general cognitive ability and risk for schizophrenia: a report from the Cognitive Genomics consorTium (COGENT)“, T. Lencz a kol., Molecular Psychiatry, únor 2014; 19(2):168–74.

[110] Tamtéž.

[111] „Identification of Gene Loci That Overlap Between Schizophrenia and Educational Attainment“, Hellard, S. L. H. a kol., Schizophrenia Bulletin, 1. května 2017; 43(3):654–664.

[112] Tato studie dále uvádí, že studie celogenomových asociací, které posuzovala, odhalily také „více než 20 genových lokusů spojených s kognitivními vlastnostmi,

uváděla, že genomové asociační studie (GWAS) identifikovaly „100 rizikových genových lokusů“ a že „byly nalezeny překrývající se genové lokusy mezi vzděláním a SCZ a mezi SCZ a kognitivními rysy, což naznačuje společné genetické riziko mezi SCZ a kognitivní dysfunkcí.“

Článek uzavřel konstatováním, že „důkazy naznačují polygenní architekturu pro SCZ a kognitivní funkce a vysoký stupeň sdíleného genetického rizika.“[113]

## Genetická souvislost mezi schizofrenií, nízkou inteligencí a trestnou činností

Jinými slovy, veškerý vědecký výzkum ukazuje jasnou souvislost mezi schizofrenií a nízkou inteligencí (kognitivní dysfunkcí). Existuje také souvislost mezi schizofrenií a kriminální činností. To neznamená, že všichni schizofrenici jsou zločinci, ale mezi zločinci je výskyt schizofrenie neúměrně vysoký.

Již v roce 1986 vědci jasně prokázali souvislost mezi schizofrenií a násilnou trestnou činností.[114] Studie z roku 2008 specifikovala, jaké druhy trestných činů jsou u schizofreniků nejčastější: „V současné době existují spolehlivé důkazy, které prokazují, že muži i ženy se schizofrenií jsou ve srovnání s běžnou populací vystaveni zvýšenému riziku, že budou

---

včetně inteligence, obecné kognice (g-faktor), reakční doby a verbálně-numerického uvažování“, a že „několik genových lokusů bylo spojeno s dosaženým vzděláním, což je náhradní ukazatel kognitivních funkcí“. Hellard, S. L. H., et al., Schizophrenia Bulletin, op. cit.

[113] „How can genetics help understand the relationship between cognitive dysfunction and schizophrenia?“ Olav B. Smeland, Ole A. Andreassen, Scandinavian Journal of Psychology, únor 2018; 59(1):26–31.

[114] „Relationships between dimensional factors of psychopathy and schizotypy“, Ragsdale KA, Bedwell JS, Frontiers in Psychology, 26. července 2013; 4:482.

odsouzeni za nenásilné trestné činy, vyššímu riziku, že budou odsouzeni za násilné trestné činy, a ještě vyššímu riziku, že budou odsouzeni za vraždu.“[115]

Zpráva z roku 2009 zveřejněná v časopise Journal of the American Medical Association odhalila, že „u osob se schizofrenií se předpokládá čtyř- až šestkrát vyšší riziko spáchání násilného trestného činu než u osob z běžné populace, které touto poruchou netrpí.“[116] Tato studie rovněž upřesnila, o jaké druhy trestných činů se jedná: vražda, ublížení na zdraví, loupež, žhářství, jakékoli sexuální delikty, nezákonné vyhrožování a zastrašování.[117]

Tento vztah byl od té doby potvrzen v celé řadě studií[118], a snad nejvýrazněji v přehledu veškeré dostupné literatury z roku 2013, který dospěl k následujícímu závěru: „Hlavním cílem tohoto přehledu bylo poskytnout klinickým lékařům kritické shrnutí všech významných relevantních studií publikovaných v průběhu 15 let. Dospělo se k závěru, že závažné duševní poruchy samy o sobě, zejména schizofrenie, a to i bez

[115] „Violent behaviour among people with schizophrenia: a framework for investigations of causes, and effective treatment, and prevention“, Sheilagh Hodgins, Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 12. srpna 2008; 363(1503): 2505–2518.

[116] „Schizophrenia, Substance Abuse, and Violent Crime“, Seena Fazel a kol., Journal of the American Medical Association, 20. května 2009; 301(19): 2016–2023.

[117] Tamtéž.

[118] „Mental disorder and crime. Evidence from a Danish birth cohort“, S. Hodgins a kol., General Psychiatry, červen 1996; 53(6):489–96; a „Major mental disorders and violence: a critical update“, Joyal C. C. a kol., Current Psychiatry Reviews, svazek 3, číslo 1, 33–50, 2007.

zneužívání alkoholu nebo drog, jsou skutečně spojeny s vyšším rizikem mezilidského násilí.“[119]

Studie z roku 2014 provedená v Izraeli zjistila, že „zvýšené riziko násilí je součástí klinického obrazu schizofrenie a je třeba jej uznat jako legitimní a zásadní aspekt klinického managementu.“[120]

Další studie z roku 2014 dodává, že „v současnosti existují spolehlivé důkazy o tom, že schizofrenie je spojena se zvýšeným rizikem násilí. Po celé Evropě se počet lůžek ve forenzních nemocnicích dramaticky zvýšil, a to především kvůli přijímání mužů trpících schizofrenií... Lidé se schizofrenií jsou ve srovnání s běžnou populací vystaveni vyššímu riziku, že budou odsouzeni za násilné trestné činy, protože je u nich větší pravděpodobnost, že se budou chovat agresivně vůči ostatním.“[121]

Studie z roku 1998 prokázala, že „existuje skutečná souvislost mezi násilím a kriminalitou na jedné straně a duševními chorobami, včetně schizofrenie, na straně druhé. Tato souvislost přetrvává i po zohlednění demografických a socioekonomických proměnných; zohlednění těchto faktorů nezpůsobilo, že by vztah mezi kriminalitou a duševními chorobami zmizel. … Pravděpodobnost, že se pacienti s duševním onemocněním dopustí trestného činu nebo násilného

[119] „Relationships between dimensional factors of psychopathy and schizotypy“, Ragsdale KA, Bedwell JS, Frontiers in Psychology, 26. července 2013; 4:482.
[120] „Schizophrenia and violent crime: a population-based study“, A. Fleischman a kol., Psychological Medicine, říjen 2014; 44(14):3051–7.
[121] „Schizophrenic und Gewalt“, S. Hodgins, R. Müller-Isberner, Der Nervenarzt, svazek 85, str. 273–278 (březen 2014).

jednání, se zvyšuje v důsledku jejich konzumace alkoholu a jiných psychoaktivních látek.“[122]

Další studie zabývající se stejným tématem ukázala, že výskyt násilných trestných činů se u osob, u nichž se současně vyskytuje schizofrenie a zneužívání návykových látek, zvyšuje o 30 procent (z 21,3 na 30,33).[123]

## Konkrétní genetické příčiny schizofrenie

Ačkoli bylo již dlouho známo, že schizofrenie – stejně jako všechna duševní onemocnění – je dědičná, teprve s nástupem éry DNA se podařilo identifikovat konkrétní geny, které ji způsobují.

Zpráva z roku 2019 na toto téma[124] odhalila, že globální konsorcium s názvem „Schizophrenia Exome Sequencing Meta-Analysis“ shromáždilo data o exomech (DNA kódující proteiny) pacientů se schizofrenií. Po letech výzkumu bylo identifikováno 10 variantních genů (tzv. deaktivovaných typů), které byly jasně spojeny se schizofrenií.

Stejně jako všechny geny musely být tyto geny přítomny u rodičů daného jedince, aby mohly být předány dál: pokud je jedna ze dvou kopií některého z těchto genů u dané osoby nefunkční, zvyšuje se její riziko vzniku schizofrenie až padesátkrát. Zejména dva geny, GRIN2A (nacházející se na

[122] „Criminal and violent behavior in schizophrenic patients: an overview“, J. Modestin, Psychiatry and Clinical Neurosciences, prosinec 1998; 52(6):547–54.
[123] „Clinical correlates of later violence and criminal offences in schizophrenia“, Soyka M., Graz C., Bottlender R., Dirschedl P., Schoech H., Schizophrenia Research, srpen 2007; 94(1–3):89–98.
[124] „Rare genetic variants could point to new treatments for severe psychiatric disorder,“ Kaiser, J., Science, 25. října 2019.

16p13.2, chromozom 16) a SP4 (nacházející se na 7p15.3, chromozom 7), se ukázaly jako ukazatele tohoto onemocnění.

Kromě toho zvyšují riziko schizofrenie také delece nebo duplikace genetického materiálu v kterémkoli z několika chromozomů, které mohou ovlivnit více genů. Zejména delece v oblasti chromozomu 22 zvané 22q11 byla identifikována jako příčina schizofrenie. Někteří jedinci s touto delecí mají kromě schizofrenie i další příznaky, jako jsou srdeční abnormality, problémy s imunitním systémem a otvor v patře (rozštěp patra), a je u nich diagnostikován stav zvaný syndrom delece 22q11.2.

Mezi další geny s variantami, u nichž bylo již dříve zjištěno, že se podílejí na vzniku schizofrenie, patří AKT1[125] (nacházející se na pozici 14q32.33, chromozom 14), COMT[126] (nacházející se na pozici 22q11.21, chromozom 22) a dva geny C4 (nacházející se na pozici 6p21.3, chromozom 6).[127]

Stručně řečeno, vědecké poznatky o schizofrenii ukazují následující:

- Schizofrenie je závažné duševní onemocnění s genetickým podkladem;

[125] „AKT1 is associated with schizophrenia across multiple symptom dimen-sions in the Irish Study of High Density Schizophrenia Families (ISHDSF),“ Thiselton, D. L., Biological Psychiatry, 1. března 2008; 63(5): 449–457.

[126] „COMT genetic variation confers risk for psychotic and affective disorders: a case control study“, Funke, B., Behavioral and Brain Functions, svazek 1, číslo článku: 19 (2005).

[127] „Overexpression of schizophrenia susceptibility factor human complement C4A promotes excessive synaptic loss and behavioral changes in mice,“ Yilmaz M., Nature Neuroscience, únor 2021; 24(2): 214–224, a „Schizophrenia risk from complex variation of complement component 4,“ Sekar, A., Nature, svazek 530, str. 177–183 (2016).

- Existuje jasná souvislost mezi schizofrenií, nízkou inteligencí a násilnou kriminalitou;
- Násilná kriminalita u schizofreniků je umocněna zneužíváním návykových látek.

Jedná se o zjevné problémy s chováním, které mohou způsobit značné narušení společenského řádu.

**Rasové rozdíly v četnosti schizofrenie**

Vzhledem ke všem výše uvedeným skutečnostem je znepokojující zjištění, že u neevropanů, a zejména u Afričanů, je výskyt schizofrenie výrazně vyšší než u Evropanů. V roce 2007 časopis International Journal of Epidemiology poukázal na to, že u imigrantských „skupin v západní Evropě došlo k výraznému nárůstu výskytu schizofrenie. Nejvyšší míra výskytu je zaznamenána u etnických skupin, v nichž převažují černoši.[128]

Tato zpráva dále odhalila, že u černochů v USA je o 200 procent vyšší pravděpodobnost, že onemocní schizofrenií než u bělochů, a že „data naznačují podstatně zvýšený výskyt schizofrenie u Afroameričanů ve srovnání s bělochy v této kohortě narozených“ a že tato „odchylka“ byla zaznamenána také v Británii.

Studie z roku 2004, publikovaná v časopise Administration and Policy in Mental Health and Mental Health Services Research, zkoumala vztah „mezi rasou, diagnózami schizofrenie, poruchami nálady a přijetím do státních

[128] „Race and risk of schizophrenia in a US birth cohort: another example of health disparity?“ International Journal of Epidemiology, srpen 2007; 36 (4): 751–8.

psychiatrických nemocnic“ na vzorku 2 311 osob, které byly během osmiletého období hospitalizovány v Indianě.[129]

„Ve srovnání s běžnou populací bylo zjištěno, že Afroameričané jsou mezi hospitalizovanými pacienty s diagnózou schizofrenie nadměrně zastoupeni. U Afroameričanů byla pravděpodobnost, že jim bude diagnostikována schizofrenie, čtyřikrát vyšší než u bílých hospitalizovaných pacientů,“ uvádí studie ve svém závěru.[130]

Studie z roku 2014, publikovaná v časopise World Journal of Psychiatry, vycházela z komplexního přehledu empirických výzkumů týkajících se rasové příslušnosti a diagnostiky psychotických poruch za období 24 let a zjistila, že „u afroamerických/černých pacientů je výskyt [schizofrenie] v průměru třikrát až čtyřikrát vyšší než u euroamerických/bílých pacientů“.[131] Studie dále uvádí: „U latinskoamerických/hispánských pacientů byla také neúměrně častěji diagnostikována psychotická porucha, a to v průměru přibližně třikrát častěji než u euroamerických/bílých pacientů.“

Studie z roku 2004, publikovaná v časopise Biological Psychiatry, konkrétně identifikovala jeden z genů odpovědných za vysoký výskyt schizofrenie mezi černochy v USA. Cílem studie bylo, podle jejích vlastních slov, „prozkoumat vztah mezi

---

[129] „Race, Schizophrenia, and Admission to State Psychiatric Hospitals“, Arnold Barnes, Administration and Policy in Mental Health and Mental Health Services Research, svazek 31, str. 241–252 (2004).

[130] Tamtéž.

[131] „Racial disparities in psychotic disorder diagnosis: A review of empirical literature“, Robert C. Schwartz a David M. Blankenship, World Journal of Psychiatry, 22. prosince 2014; 4(4): 133–140.

genem NOTCH4 a schizofrenií u afroamerických („AA“) a euroamerických („EA“) subjektů.“[132]

Vědci zkoumali dva SNP „v lokusu NOTCH4 u 123 pacientů se schizofrenií afrického původu (AA), 223 pacientů se schizofrenií evropského původu (EA), 85 zdravých kontrolních subjektů afrického původu (AA) a 211 zdravých kontrolních subjektů evropského původu (EA)“. Konkrétní ukazatele se nazývají -1725T/G a -25T/C.

Výsledky studie dospěly k závěru, že haplotyp -1725G/-25T je spojen se schizofrenií u osob afrického původu, ale ne u osob evropského původu.[133]

„Haplotyp -1725G/-25T v lokusu NOTCH4, který je výsledkem SNP genů NOTCH4, které jsou v LD, může zvyšovat náchylnost k schizofrenii u osob afrického původu. Jakýkoli vliv tohoto lokusu na riziko schizofrenie je specifický pro danou populaci.“[134]

Ve Velké Británii lze nalézt identický vzorec. BBC v roce 2000 informovala, že studie britského Institutu psychiatrie odhalila, že u lidí „afro-karibského“ původu je „šestkrát vyšší pravděpodobnost, že jim bude diagnostikována schizofrenie, než u bělochů.“[135]

Oficiální studie britské vlády s názvem Aesop (Aetiology and Ethnicity in Schizophrenia and other Psychoses), kterou provedli psychiatři a epidemiologové z oddělení sociální

---

[132] „NOTCH4 gene haplotype is associated with schizophrenia in African Americans“ Xingguang Luo a kol., Biological Psychiatry, ročník 55, číslo 2, 15. ledna 2004, str. 112–117.
[133] Tamtéž.
[134] Tamtéž.
[135] „UK life blamed for ethnic schizophrenia“, BBC, pátek 14. července 2000.

psychiatrie Institutu psychiatrie v nemocnici Maudsley v jižním Londýně – která obsluhuje převážně černošskou část hlavního města – zjistila, že členové „afrokaribské komunity trpí schizofrenií devětkrát častěji než lidé z bílé komunity“, a popsala to jako „epidemii“.[136]

Zpráva z roku 2008 v British Journal of General Practice rovněž uváděla, že výskyt schizofrenie u černochů z Karibiku žijících ve Velké Británii byl devětkrát vyšší než u bílé britské populace, a co je ještě znepokojivější, že byl ještě vyšší u černochů z Karibiku druhé generace.[137] Zpráva odhalila, že tito černošští pacienti se schizofrenií „mají větší pravděpodobnost, že budou nezaměstnaní, budou mít záznam v trestním rejstříku [a] budou bydlet v chátrajících městských čtvrtích“.[138]

## MAOA: Gen „agrese“

Gen „agrese“, v některých kruzích nazývaný také gen „bojovníka“ (MAOA – monoaminooxidáza A, lokalizovaný na Xp11.3, krátké rameno X chromozomu, pozice 11.3) a jeho varianty, představuje další faktor ovlivňující míru kriminality.

Monoaminooxidázy (MAO) jsou enzymy, které se podílejí na odbourávání neurotransmiterů, jako je serotonin a dopamin, a jsou proto schopny ovlivňovat pocity, náladu a chování jedinců. Pokud dojde k mutaci genu, který se podílí na procesu

[136] „‚Schizophrenia epidemic' among African Caribbeans spurs prevention policy change“, The Guardian, 9. prosince 2009.
[137] „Schizophrenia in black Caribbeans living in the UK: an exploration of underlying causes of the high incidence rate“, British Journal of General Practice, 1. června 2008; 58(551): 429–434.
[138] Tamtéž.

aktivace nebo inhibice enzymů MAO, ovlivní to osobnost nebo chování dané osoby a učiní ji náchylnější k agresi.[139]

To, že má daný jedinec tento gen, ještě neznamená, že se z něj automaticky stane násilný zločinec, ale bylo jednoznačně prokázáno, že se tento gen u takových pachatelů vyskytuje velmi často.[140]

Gen MAOA byl poprvé zjištěn v roce 1993 u násilnické nizozemské zločinecké rodiny, což posloužilo jako vysvětlení toho, proč byly všechny následující generace tohoto klanu zločinci bez morálních zábran.[141]

Následující studie toto téma ještě více prohloubily a, jak uvádí jedna z mnoha studií zabývajících se touto problematikou: „Tato studie, vycházející z údajů o přibližně 1 100 mužích z Národní longitudinální studie zdraví adolescentů, dokládá význam genetiky a interakcí mezi genetickými a environmentálními faktory pro pochopení delikvence a násilí u adolescentů.“

---

[139] „Two genes linked with violent crime“, BBC News, 28. října 2014.

[140] Mezi první vlnou studií věnovaných tomuto tématu byly tyto tři významné práce: „The VNTR 2 repeat in MAOA and delinquent behavior in adolescence and young adulthood: associations and MAOA promoter activity,“, Guo G, Ou XM, Roettger M, Shih JC, European Journal of Human Genetics. 16 (5): 626–34, 23. ledna 2008; „The VNTR 2 repeat in MAOA and delinquent behavior in adolescence and young adulthood: associations and MAOA promoter activity,“, Guang Guo, Xiao-Ming Ou, Michael Roettger & Jean C Shih, European Journal of Human Genetics, svazek 16, str. 626–634 (2008); a „The integration of genetic propensities into social-control models of delinquency and violence among male youths“, Guo G, Roettger M, Shih JC, American Sociological Review, 73 (4): 543-568, srpen 2008.

[141] „Does the ‘aggressive gene’ lurk in a Dutch family?“ New Scientist, 30. října 1993.

„Naše analýzy ukazují, že tři genetické polymorfismy – konkrétně 30-bp tandemová sekvence s proměnlivým počtem opakování (VNTR) v promotorové oblasti genu MAOA, 40-bp VNTR v genu DAT1 a polymorfismus Taq1 v genu DRD2 – představují významné prediktory závažné a násilné delikvence, jsou-li zahrnuty do modelu delikvence založeného na sociální kontrole.“[142]

První náznak toho, že tento gen souvisí s dalšími genetickými poruchami, jako je nízké IQ, se objevil v roce 2007: „Vysoká hladina testosteronu, kouření matky během těhotenství, nízká životní úroveň, předčasné ukončení školní docházky a nízké IQ jako prediktory násilného chování jsou spojeny s muži, kteří mají alely s nízkou aktivitou.“[143]

## Genetické výzkumy odhalily, že gen MAOA je častější u Afričanů

Teprve poté, co byla zveřejněna souvislost mezi genem MAOA, násilím a nízkým IQ, začali vědci vážně zkoumat vztah mezi rasou a výskytem tohoto genu.

Do té doby neumožňoval výskyt genu MAOA u všech ras provést jasné rasové rozlišení, ale se zdokonalováním technik genetického výzkumu se důkazy brzy staly zřejmými.

Studie z roku 2006, publikovaná v časopise Biological Psychiatry, poukázala na to, že „studie s bílými muži ukázaly, že genotypy spojené s vysokými hladinami monoaminooxidázy

---

[142] „The Integration of Genetic Propensities into Social-Control Models of Deliquency and Violence among Male Youths“, Guang Guo, Michael 3. Roettger, Tianji Cai, American Sociological Review, 1. srpna 2008.

[143] „Early Trauma and Increaseda Risk for Physical Aggression during Adulthood: The Moderating Role of MAOA Genotype“, Giovanni Frazzetto a kol., PLOS One, 2 (5): e486, 30. května 2007.

A (MAOA) chrání před dopadem týrání a nepříznivých životních podmínek v dětství na vývoj antisociálního chování a poruch chování“, ale tento „ochranný účinek nebyl zjištěn u týraných a zanedbávaných nebílých osob“.[144]

Rozsáhlý článek, který vyšel v říjnu 2009 v časopise Nature, se zabýval soudním případem v Itálii, v němž byl alžírský přistěhovalec odsouzený za vraždu potrestán mírnějším trestem, protože měl „agresivní“ gen MAOA a odvolací soud rozhodl, že za své činy tedy nenese plnou odpovědnost.[145] Od té doby došlo v Evropě a Americe k nejméně padesáti podobným případům, kdy byla tato obhajoba u soudů použita, a to s různou mírou úspěchu.

V roce 2013 studie publikovaná v časopise Personality and Individual Differences odhalila, že alela genu MAOA s 2 repeticemi u bělochů téměř zcela chybí: „Řada výzkumů odhalila, že polymorfismus v promotorové oblasti genu MAOA souvisí s antisociálními fenotypy. Většina těchto studií zkoumá účinky alel s nízkou aktivitou MAOA (alely s 2 a 3 opakováními) ve srovnání s účinky alel s vysokou aktivitou MAOA (alely s 3,5, 4 a někdy i 5 opakováními), přičemž výzkum naznačuje, že alely s nízkou aktivitou MAOA zvyšují riziko antisociálních fenotypů.“

„V této studii jsme zkoumali, zda alela s 2 repeticemi, u níž bylo prokázáno, že se funkčně liší od alely s 3 repeticemi,

[144] „MAOA and the ‘cycle of violence:’ childhood abuse and neglect, MAOA genotype, and risk for violent and antisocial behavior,“, Cathy Spatz Widom, Linda M. Brzustowicz, Biological Psychiatry, 1. října 2006; 60(7):684–9.
[145] „Lighter sentence for murderer with 'bad genes': Italian court reduces jail term after tests identify genes linked to violent behaviour,“ Nature, 30. října 2009.

souvisí s celou řadou antisociálních fenotypů u vzorku mužů vybraných z Národní longitudinální studie zdraví adolescentů.“

„Analýzy odhalily, že afroameričtí muži, kteří byli nositeli alely s 2 repeticemi, byli ve srovnání s jinými afroamerickými mužskými genotypy významně častěji zatčeni a uvězněni.“

„Další analýzy odhalily, že afroameričtí muži, kteří byli nositeli alely s 2 opakováními, dosáhli výrazně vyšších skóre v indexu antisociálních fenotypů a v měřeních hodnotících zapojení do násilného chování v průběhu života. Účinky alely s 2 opakováními nebylo možné zkoumat u bělochů, protože ji neslo pouze 0,1 procenta z nich.“[146]

V roce 2014 odhalila studie zveřejněná v časopise „Psychiatry Quarterly“, že „afroameričtí muži, kteří jsou nositeli alely s dvojitou repeticí [genu MAOA], vykazují ve srovnání se všemi ostatními genotypy výrazně vyšší pravděpodobnost, že se dopustí střelby nebo bodnutí nožem a že budou mít na svědomí více obětí střelby či bodnutí nožem.“[147]

Tato studie se snažila zdůraznit, že tato alela s dvěma opakujícími se sekvencemi byla zcela nezávislá na vlivu prostředí.

---

[146] „Exploring the association between the 2-repeat allele of the MAOA gene promoter polymorphism and psychopathic personality traits, arrests, incarceration, and lifetime antisocial behavior“, Beaver KM a kol., Personality and Individual Differences, ročník 54, číslo 2, leden 2013, str. 164–168.

[147] „The 2-repeat allele of the MAOA gene confers an increased risk for shooting and stabbing behaviors,“ Kevin M. Beaver, J. C. Barnes, Brian B. Boutwell, Psychiatry Quarterly, září 2014; 85(3); 257–265.

## Sedm hlavních ras

Jak jsme si připomněli v kapitolách třetí a čtvrté, genetika jasně rozděluje světovou populaci do sedmi odlišných kategorií.

Jedná se o tyto kategorie:

1. Afrika (subsaharská).

2. Východní Asie.

3. Střední Asie.

4. Blízký východ.

5. Oceánie.

6. Evropa.

7. Amerika.

Je třeba mít na paměti, že se jedná o široké kategorie a že v rámci těchto okruhů existují individuální rozdíly. V rámci každé hlavní skupiny se nacházejí podskupiny, nazývané „subrasy“. Tyto subrasy se od sebe v některých fyzických rysech mírně liší, ale stále sdílejí dostatek genetických společných rysů s ostatními členy své hlavní kategorie.

Pojmenování ras je od prvních vědeckých spisů na toto téma předmětem dlouhé a dosud trvající debaty. Není pochyb o tom, že mnoho dřívějších kategorizací bylo založeno spíše na názorech než na jakýchkoli přesvědčivých genetických faktech.

Příchod genetiky to zcela změnil a nyní je možné těmto kategoriím dát názvy, které odrážejí původní rasové složení každého regionu. Při výběru těchto názvů je rozumné používat, pokud možno, termíny, které jsou snadno srozumitelné a běžné, spíše než vymýšlet nové termíny, které obecně slouží jen k matení.

Na základě tohoto porozumění můžeme tedy pojmenovat rasové kategorie tak, jak byly identifikovány pomocí DNA:

**1. Region: Evropa. Název rasové skupiny: „Europoidní.“**

Název „Evropa“ pochází z řecké mytologie, a jeho počátky tedy sahají přinejmenším do roku 800 př. n. l. „Europid“ je souhrnný termín označující obyvatele Evropy se světlou pletí, kteří se v zásadě dělí do tří hlavních podskupin:

1.1 Nordici, s blond vlasy, světlýma očima, „dlouhou“[148] lebkou a vysokou postavou.

1.2 Alpinci, s hnědými vlasy, světle hnědýma očima, „hranatou“ lebkou a nižší postavou, a

1.3 Mediteránci, neboli „staří Evropané“, s tmavými vlasy, tmavýma očima a „hranatou“ lebkou.

Existují i další podtypy, ty však často představují směsici těchto tří hlavních podskupin nebo vykazují nějaký jiný vnější či starodávný vliv.

**2. Region: Afrika (subsaharská). Název rasové skupiny: „negroidní“.**

Obyvatele této oblasti lze obecně označit za „negroidní“, což je dobře známý pojem.[149]

---

[148] Stručný přehled typů lebek a používaných vědeckých názvů je uveden v následující kapitole.

[149] Slovo „negro“ je odvozeno z latinského slova, které znamená „černý“ („niger“). Nemá žádné další konotace, což potvrzuje i skutečnost, že jména nejméně dvou současných afrických států – z nichž jeden je největší zemí afrického kontinentu – Niger a Nigérie, zřejmě pocházejí právě z tohoto slova. Toto jméno této části světa poprvé dal slavný pokřtěný maurský geograf Leo Africanus (narozený jako al-Hasan kolem roku 1494, zemřel kolem roku 1554) ve svém díle z roku 1550 Della descrittione dell’Africa et delle cose notabili che

Podle genetického zařazení lze rozlišit dvě hlavní negroidní subrasy:

2.1 Bantu, kteří tvoří největší samostatnou skupinu a jejichž vzhled nejlépe odpovídá tomu, co se obecně považuje za „rasově africký“. Vyznačují se tmavě hnědou až černou pletí, krátkými kudrnatými vlasy, širokými nosy, tmavě hnědýma až černýma očima a velmi nízkým cefalickým indexem. Slovo „Bantu“ je odvozeno od jihoafrického slova pro „lidi“ (abantu), jak se používá v jazycích Zulu a Xhosa. Pygmejové ze západní a střední Afriky, dlouho považovaní za samostatnou rasu, se od Bantu liší pouze v některých genech souvisejících s růstem.

2.2 Khoi-San a další předbantuské národy. Dnes se vyskytují hlavně v jižní Africe a dříve byli známí jako „Křováci“. Vyznačují se téměř epikantickým záhybem v očním víčku a světlejší hnědou pletí.

Jiné skupiny v subsaharské Africe, které se běžně označují jako „africké“ (například Súdánci a další národy severovýchodu), jsou ve skutečnosti výsledkem rasového smíšení s lidmi ze Středního východu.[150]

---

ivi sono. V této knize, která je prvním přesným geografickým popisem Afriky, pojmenoval Africanus velkou řeku v západní Africe „řekou Niger“, což je název, který nese dodnes. Niger a Nigérie převzaly svá jména od této řeky. Je třeba říci, že někteří vědci od té doby tvrdí, že název této řeky vychází z arabského nebo berberského slova, ale neexistují pro to žádné přesvědčivé důkazy.

[150] Existenci a geografické rozšíření smíšených ras lze pozorovat v několika regionech světa. Mezi nejvýraznější příklady patří téměř celá severní Afrika, Turecko, Střední a Jižní Amerika. To neznamená, že všichni lidé z těchto regionů jsou smíšeného původu, ale značná část z nich – a rozhodně většina – jím je.

**3. Region: Východní Asie. Název rasové skupiny: „mongoloidní“.**

Východoasijské národy tvoří původní obyvatelstvo Číny, Tchaj-wanu, Japonska, Mongolska a Koreje. Jelikož se v této oblasti vyskytuje velké množství jazyků a sburas, je vhodné k jejich označení použít tradiční termín „mongoloidní“.

Mezi hlavní subrasy mongoloidů patří:

3.1 Severní mongoloid: Mezi etnické skupiny patří Altajci a Sibiřané. Vyznačuje se světlou pletí a výraznými epikantickými záhyby nad malýma oválnýma očima.

3.2 Střední mongoloid: Mezi etnické skupiny patří Sino-Tibetané (největší skupinou jsou Han Číňané a Japonci). Charakteristické jsou „nažloutlá“ světlá pleť, vnitřní dvojité oční víčko (mírný epikantický záhyb) a středně velké oválné oči.

3.3 Jižní mongoloid: Mezi etnické skupiny patří Kambodžané, Malajci, Indonésané, Javánci a Filipínci. Vyznačují se různým odstínem pleti od světle hnědé až po tmavě hnědou, vnějšími dvojitými víčky (bez epikantické rýhy) a většíma, kulatějšíma očima. Tyto fyzické charakteristiky pravděpodobně pocházejí z míšení se západními mongoloidy (viz níže).

Všechny tyto skupiny mají rovné, uhlově černé vlasy.

**4. Region: Střední Asie. Název rasové skupiny: „Indo-iranoidní“.**

Vyloučíme-li východoasijskou genetickou složku Střední Asie, zahrnuje tento region všechna území od západních hranic Číny až po Kaspické moře. Patří sem indický subkontinent,

Afghánistán, Írán a bývalé sovětské republiky Kazachstán, Kyrgyzstán, Tádžikistán, Turkmenistán a Uzbekistán.

Jedná se o rozsáhlou oblast, ale z genetického hlediska lze velkou část regionu přímo spojit s rozšířením indoevropského jazyka, a proto je logické jim dát název „indo-iranoidi“.

Na indickém subkontinentu se Indo-Iranoidi dělí na dvě skupiny, rozdělené přibližně podle geografických hranic. Sever se vyznačuje světlejší pletí, tmavýma až černýma očima a tmavými vlasy (a velmi ojedinělými náznaky evropského původu). Jih se vyznačuje mnohem tmavší pletí a v některých oblastech dokonce fyziognomií blížící se negroidnímu typu. Tyto fyzické rozdíly tvoří základ slavného indického kastovního, neboli třídního systému.

Na severu a severozápadě Indie mají Indo-Iranoidi obecně světlejší pleť a ačkoli převažují černé oči, světlejší vlasy a oči se vyskytují v početně významném množství, což je známkou dávného evropského smíšení. To zahrnuje i turkické národy.

**5. Region: Blízký východ. Název rasové skupiny: „Semité“.**

Jedná se o lidi, kteří pocházejí z Arabského poloostrova a jeho bezprostředního okolí. Jsou to lidé, kteří se obecně označují jako „Arabové“, ačkoli panuje značná nejistota ohledně toho, kdo přesně je „Arab“.

Není správné označovat celý Blízký východ za „arabský“ nebo muslimskou část severní Afriky za „arabskou“, protože tyto regiony jsou dnes z velké části smíšeného etnického původu.

Je proto vhodnější pojmenovat původní obyvatele Blízkého východu podle jejich jazyka, „semitský“, než podle

jejich regionu, protože to lépe definuje, kým jsou. Použití tohoto termínu omezuje definici obyvatel Blízkého východu na ty, kteří sdílejí společnou genetiku.

Dvěma nejdůležitějšími skupinami Semitů jsou Saúdové a Židé, kteří mají velmi podobnou DNA. Obě tyto skupiny se vyznačují světle hnědou barvou pleti, černýma očima, černými vlasy a výrazným nosem, což může, ale nemusí být výsledkem dávného smíšení s vnějšími skupinami.

Židé se dále dělí na dvě hlavní skupiny: Aškenázy a Sefardy. Hlavní rozdíl mezi těmito dvěma skupinami spočívá v tom, že Aškenázové mají v průměru 30 procent evropského původu, což je důsledkem jejich dlouhodobého pobytu v Evropě. To je příčinou světlejší pleti, světlejších očí a světlejší barvy vlasů u značného počtu aškenázských Židů.

**6. Region: Oceánie. Název rasové skupiny: „Australoidové“.**

Region Oceánie zahrnuje ostrovní státy severně od Austrálie, samotnou Austrálii a ostrovy v jižním Pacifiku. Patří sem i domorodé národy z ostrovů ležících bezprostředně severně od Austrálie.

Z tohoto důvodu je vhodné označit tuto skupinu jako „australoidní“ podle nejvýznamnější z těchto skupin, neboť se jedná o termín, který okamžitě evokuje jak konkrétní geografickou polohu, tak obecně sdílený fenotyp.

V tomto regionu existují dvě hlavní etnické skupiny:

6.1 Australští aboriginci. Vyznačují se hnědou až tmavou pletí, tmavýma očima a kudrnatými (nikoli však kadeřavými) vlasy.

6.2 Papuánci a příbuzné kmeny: Ačkoli sdílejí značnou část genetického materiálu s australskými aboriginci, vyznačují se tyto kmeny mnohem tmavší pletí a téměř negroidními fyzickými rysy.

**7. Region: Amerika: Název rasové skupiny: „Amerindové“.**

Ačkoli tito lidé pocházejí původně z východní Asie, byli v Americe izolováni tak dlouho, že proces genetického driftu[151] jim umožnil vytvořit samostatnou genetickou skupinu.

„Čistší“ formy se dnes vyskytují spíše ve Střední a Jižní Americe a vyznačují se menší postavou, „asijštějším“ vzhledem obličeje, tmavší pletí a černýma očima. Rozsáhlý dovoz negroidních typů během transatlantického obchodu s otroky výrazně ovlivnil jejich fenotyp v mnoha regionech a to, spolu s přínosem španělských kolonialistů, vytvořilo to, co mnozí nazývají „mexickým“ nebo „hispánským“ typem (ačkoli v genetickém smyslu neexistuje žádná rasa zvaná „hispánská“).

V Severní Americe se „Indiáni“ vyznačují mnohem světlejší pletí a méně „asijskými“ tvářemi – to vše je převážně výsledkem evropského smíšení.

Je tedy možné použít termíny europidní, negroidní, semitský, mongoloidní, indo-iranoidní, australoidní a amerindský k správnému zařazení sedmi hlavních ras, jak je definuje DNA.

[151] Viz druhá kapitola.

## Sedm hlavních ras – typologický přehled

Vzhledem k tomu, že genetika jasně vymezila sedm hlavních ras lidstva, je užitečné provést typologický přehled těchto hlavních ras a jejich subras.

Čtenář by měl vždy mít na paměti, že veškeré fyzické rozdíly jsou výsledkem genetiky. Geny, respektive konkrétní úseky v genech (SNP), určují všechny aspekty fyzického vzhledu člověka, a tedy i jeho rasový vzhled.

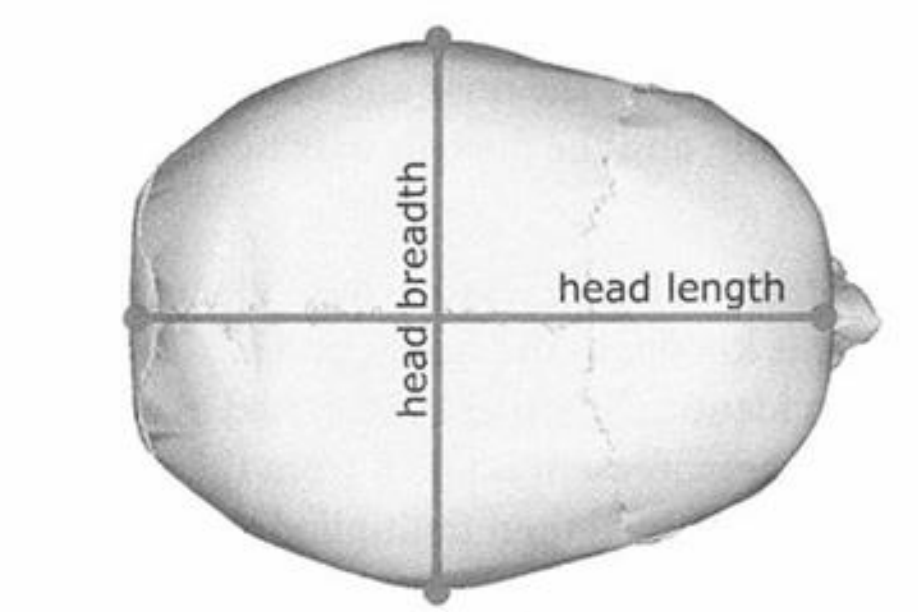
### Cefalický index jako měřítko rasy

I náhodný pozorovatel si jistě všiml, že někteří lidé mají jakoby „dlouhou“ hlavu, zatímco jiní mají „kulatý“ obličej. Tento vzhled má samozřejmě genetický původ.

Antropologové si již dlouho uvědomují rozdíly ve tvaru lebky a za účelem identifikace určitých tvarů vytvořili takzvaný „cefalický index“ (nebo CI).

CI je číslo, které se vypočítá pomocí jednoduchého vzorce: jedná se o šířku hlavy dělenou délkou hlavy, výsledek se pak vyjádří v procentech vynásobením číslem 100.

Vzorec vypadá takto: Cephalic Index = šířka hlavy / délka hlavy * 100




*Cefalický index stanovený na základě měření lebky.*

Pokud je poměr CI nižší než 75, označuje se lebka jako „dolichocefalická“ neboli „úzká“. Pokud poměr CI přesáhne 80, lebka se označuje jako „brachycefalická“ neboli široká. Pokud poměr CI spadá mezi 75 a 80, lebka se označuje jako „mesocefalická“ neboli „střední“. To je obvykle výsledkem smíšení dolichocefalických a brachycefalických jedinců.

**Rysy obličeje jako měřítko rasy**

Pokud dolní část obličeje, zejména čelist, vyčnívá více než zbytek obličejových rysů, hovoříme o prognatismu (nebo prognatické čelisti). Čelist bez prognatismu se nazývá ortognatismus (nebo ortognatická čelist).

*Zleva doprava: Severoevropská lebka, lebka Amerinda a lebka subsaharského Afričana. Ilustrace zdůrazňuje prognatický charakter subsaharských Afričanů. „Afričané“, kteří tento výrazný rys nevykazují, mají smíšený rasový původ.*

Nosní křídla, která se nacházejí po obou stranách v dolní části nosu a obklopují nosní dírky, se značně liší a nosní dírky mohou být úzké, střední, široké nebo kulaté.

Při výpočtu jako číslo v poměru k délce nosu je výsledkem takzvaný „nosní index“. Nosní index se počítá stejným způsobem jako při výpočtu cefalického indexu. Změří se vzdálenost od kořene křídel nosu k úhlu s rtem a výsledek se vynásobí 100.

Genetický základ nosního indexu slouží jako vysoce přesný indikátor rasového původu, zejména u populací s velkým podílem smíšeného rasového původu, jako je Indie nebo severovýchodní Afrika.

Dlouhý a úzký nos se nazývá leptorrhin a má nosní index mezi 55 a 69. Středně tvarovaný nos se nazývá mesorrhin a má nosní index mezi 70 a 84. Široký a krátký nos se nazývá platyrrhin a má nosní index mezi 85 a 99. Nosní indexy pod 55

se nazývají hyperleptorrhin a ty nad 100 se nazývají hyperplatyrrhin.

## Rasové typy

### 1. Europodní

### 1.1 Nordický

Struktura a barva vlasů: Rovné nebo mírně vlnité. Žluté, velmi světle hnědé nebo zrzavé.

Postava: Průměrná výška 1,73 metru.

Barva pleti: Velmi světlá.

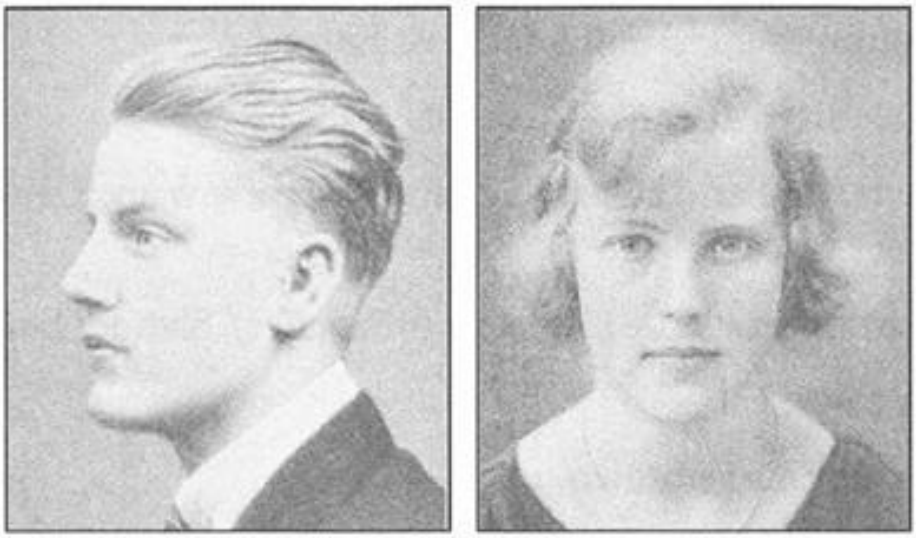
Barva očí: Světlá (modrá, šedá, občas zelená).

Cefalický index: 76–79. Dolichocefalický.

Nos: Leptorrhin, rovný nebo orlí. Úzký obličej.

Průměrná úroveň IQ: 105

Lokalita: Skandinávie, severozápadní Evropa, Pobaltí, Bělorusko.



*Nordický muž a Nordická žena.*

## 1.2 Alpinský

Struktura a barva vlasů: Rovné nebo mírně vlnité. Hnědé.

Postava: 1,635 metru. Obvykle robustní postava.

Barva pleti: Světlá až středně opálená.

Barva očí: Hnědá.

Cefalický index: 82-86; brachycefalický.

Nos: Mesorrhin, rovný, zřídka orlí.

Průměrná úroveň IQ: 99,5

Lokalita: Střední a jihovýchodní Evropa.

*Alpinský muž a Alpinská žena.*

### 1.3 Mediteránní

Struktura a barva vlasů: Rovné nebo mírně vlnité. Tmavě hnědé až téměř černé.

Postava: Průměrná výška 1,615 metru. Štíhlá postava.

Barva pleti: Světlá.

Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 72–75; dolichocefalický. Úzký, oválný obličej.

Nos: Leptorhin, obecně rovný.

Průměrná úroveň IQ: 97

Lokalita: Jižní pobřeží Středozemního moře, Španělsko, Irsko, Wales, Francie, Spojené království.

Poznámka: Existuje řada dalších evropských subras, v závislosti na konzultovaném antropologovi. Z důvodu

stručnosti jsou uvedeny pouze tři výše uvedené, jelikož se zdá, že mnoho ostatních představuje z větší části buď nepatrné odlišnosti od výše uvedených tří, nebo jejich kombinace.

*Mediterránní muž a Mediterránní žena.*

## 2. Negroidní

### 2.1 Bantu

Struktura a barva vlasů: Tvrdé, jako pepřová zrna. Černé.

Postava: Průměrně 1,68 metru.

Barva kůže: Tmavě hnědá až uhlově černá.

Barva očí: Tmavě hnědá až uhlově černá.

Cefalický index: 75–80; mesocefalický, s tendencí k brachycefalickému typu. Prognatismus velmi častý, někdy výrazný.

Nos: Platyrrhin, široký a plochý, často se širokými nosními dírkami.

Průměrná úroveň IQ: 67

Lokalita: Střední až jižní Afrika.

*Bantu muž a Bantu žena.*

## 2.2 Khoi-San

Struktura a barva vlasů: Tvrdé, jako pepřová zrna, řídké. Černé.

Postava: Průměrně 1,5 metru.

Barva kůže: Hnědá až světle hnědá.

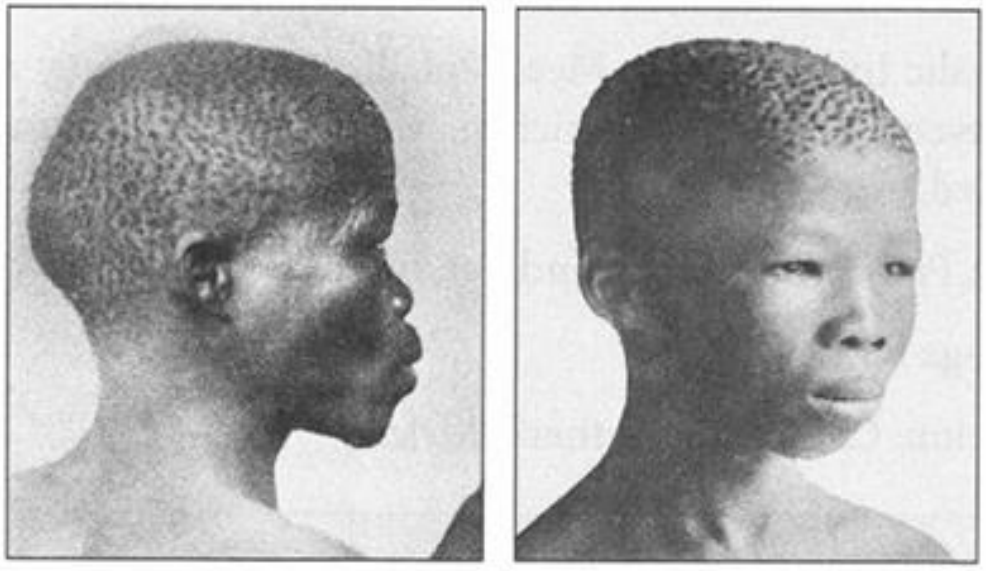
Barva očí: Tmavě hnědá až uhlově černá.

Cefalický index: 75–77; mesocefalický, s tendencí k brachycefalickému typu. Prognatismus velmi častý, někdy výrazný.

Nos: Platyrrhin, široký a plochý, často se širokými nosními dírkami.

Průměrná úroveň IQ: 55

Lokalita: Jižní Afrika.



*Muž San (tzv. „Křovák“) a San žena.*

Poznámka: Obyvatelé severní Afriky tvoří smíšenou skupinu složenou z evropských, semitských, negroidních a dokonce i asijských prvků.

Obyvatelstvo severovýchodní Afriky, včetně Súdánu, Etiopie a Somálska, představuje smíšenou rasu tvořenou převážně směsicí negroidních a semitských prvků.

Pygmejové a Masajové mají jedinečné geny, které brzdí, respektive podporují růst, jinak jsou identičtí s Bantu. Nejvyšší kmen v Africe, Dinka ze Súdánu, má smíšený semitsko-negroidní původ.

### 3. Semitský

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrná výška 1,66 metru.

Barva pleti: Hnědá až světle hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá až černá.

Cefalický index: 75–79; mesocefalický, s tendencí k dolichocefalickému.

Nos: Leptorrhin, rovný nebo orlí nos. Štíhlý obličej, hranaté rysy. Mnozí mají výrazný nos, což se stalo charakteristickým rysem většiny Židů.

Průměrná úroveň IQ: 79

Lokalita: Saúdská Arábie, nyní rozšířeni do mnoha částí Blízkého východu. Židé se rozšířili do evropských zemí.

*Dva muži semitského původu ze Saúdské Arábie. Vpravo bývalý saúdský emír.*

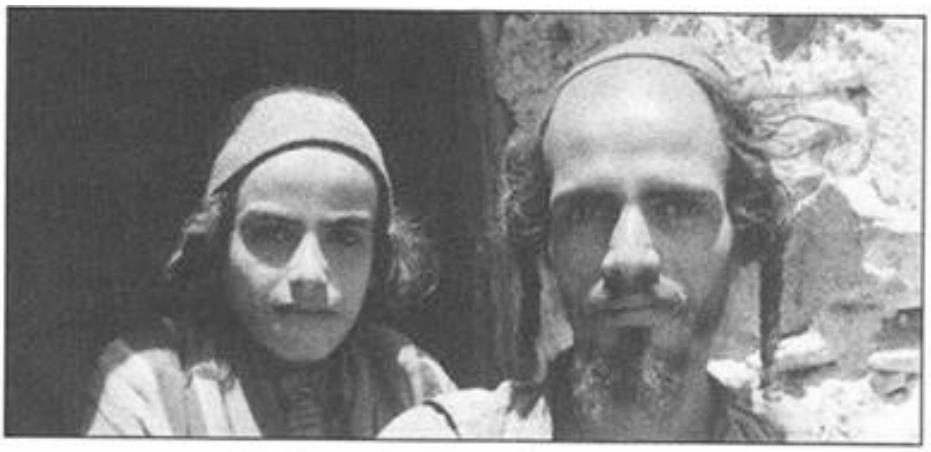
## 3.1 Židé

Židovská subrasa se od čistokrevných Semitů liší pouze mírou nesemitského smíšení, ať už s Europoidy nebo Indo-Iranoidy. Aškenázové (evropští Židé) mají nejvyšší podíl evropského původu, a proto vykazují nejvíce evropských rysů. V průměru mají aškenázští Židé asi 30 procent evropského původu a někteří dokonce mnohem více. To způsobuje, že se jejich fenotyp značně liší a mohou vykazovat širokou škálu od světlých vlasů, očí a barvy pleti až po velmi tmavé rysy. Také struktura vlasů se značně liší, od rovných až po velmi kudrnaté. Sefardští Židé si zachovávají největší genetickou podobnost se semitskou rasou a v průměru mají asi 10 procent nesemitského původu. To způsobuje, že jsou v průměru ve všech ohledech tmavší než aškenázští Židé. Jediným společným a nápadným rysem se zdá být slavný „židovský nos“, který je dominantním znakem jak u aškenázských, tak u sefardských Židů.

Průměrná úroveň IQ aškenázských Židů: 100

Průměrná úroveň IQ sefardských Židů: 84

*Dva muži aškenázského původu, kteří ilustrují rozmanitost svých fenotypů vyplývající z evropského smíšení.*



*Sefardští Židé z Iráku.*

## 4. Indo-iranoidi

## 4.1 Indie:

### 4.1.1 Dravidové (Indie)

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrná výška 1,63 metru.

Barva pleti: Hnědá až černá, u jedinců s výrazným evropským původem světlá.

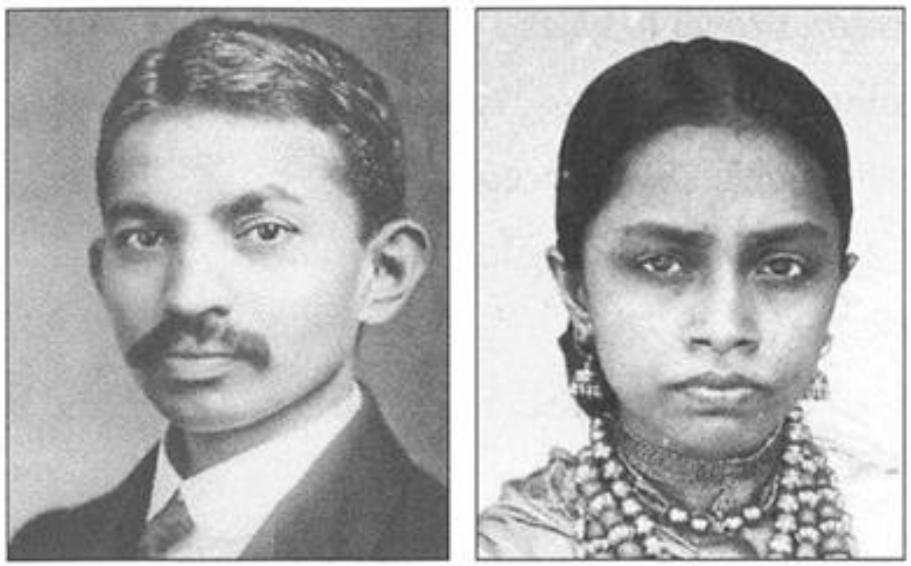
Barva očí: Černá, u jedinců s evropským původem světlá.

Cefalický index: 73–76; obecně dolichocefalický.

Nos: Mesorrhin, tendence k leptorhinickému.

Průměrná úroveň IQ: 87

Lokalita: Indický subkontinent, severní Indie, Pandžáb, Pákistán. Spojován s pozdějšími osadníky této oblasti.



*Dravidský muž a Dravidská žena.*

### 4.1.2 Předdravidové

Struktura a barva vlasů: Rovné, v některých oblastech s tendencí ke kudrnatění. Černé.

Postava: Průměrně 1,5 metru.

Barva očí: Černá.

Cefalický index: 78, mesocefalický.

Nos: Mesorrhin, s tendencí k platyrhinickému.

Průměrná úroveň IQ: 72

Lokalita: Jižní Indie, Srí Lanka, části Malajsie a přilehlé ostrovní oblasti.

*Předdravidský muž a Předdravidská žena.*

## 4.2 Iranoid

Struktura a barva vlasů: Rovné, mírně zvlněné. Černé až hnědé, velmi zřídka světlé (evropský původ).

Postava: Průměrně 1,69 metru.

Barva pleti: Bílá až světle hnědá.

Barva očí: Hnědá, občas modrá v závislosti na míře evropského původu.

Cefalický index: 85, brachycefalický, s tendencí k dolichocefalickému typu.

Nos: Leptorrhin.

Průměrná úroveň IQ: 87

Lokalita: Střední Asie, Írán, Irák, Afghánistán, Turkmenistán, Uzbekistán, Tádžikistán, Kazachstán, Ázerbájdžán a související regiony.

*Iranoidní muži a Iranoidní ženy.*

## 5. Mongoloidní

### 5.1 Han Číňané

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrná, 1,65 metru.

Barva pleti: Světlá.

Barva očí: Tmavě hnědá, charakteristická epikantickou rýhou. Tvar očí spíše hranatý.

Cefalický index: 76–80, mesocefalický, silná tendence k vysokému čelu. Široký obličej.

Nos: Platyrrhin, tendence k mesorrhinu.

Průměrná úroveň IQ: 105

Lokalita: Čínská pevnina, Tchaj-wan. Největší skupina mongoloidní rasy.

*Han muž a Han žena.*

## 5.2 Mongolové

Struktura a barva vlasů: Hrubé, rovné. Černé.

Postava: Průměrně 1,65 metru.

Barva pleti: Nažloutlá až hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá. Tvar očí „rovnější“ než u Han Číňanů.

Cefalický index: 84–87; brachycefalický.

Nos: Silná tendence k platyrrhinu.

Průměrná úroveň IQ: 100

Lokalita: Severozápad Číny, Mongolsko, oblast kolem jezera Bajkal na jižním cípu Ruska.

*Mongolský muž a Mongolská žena.*

## 5.3 Yayoi (Japonsko)

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrná výška 1,71 metru.

Barva pleti: Světlá.

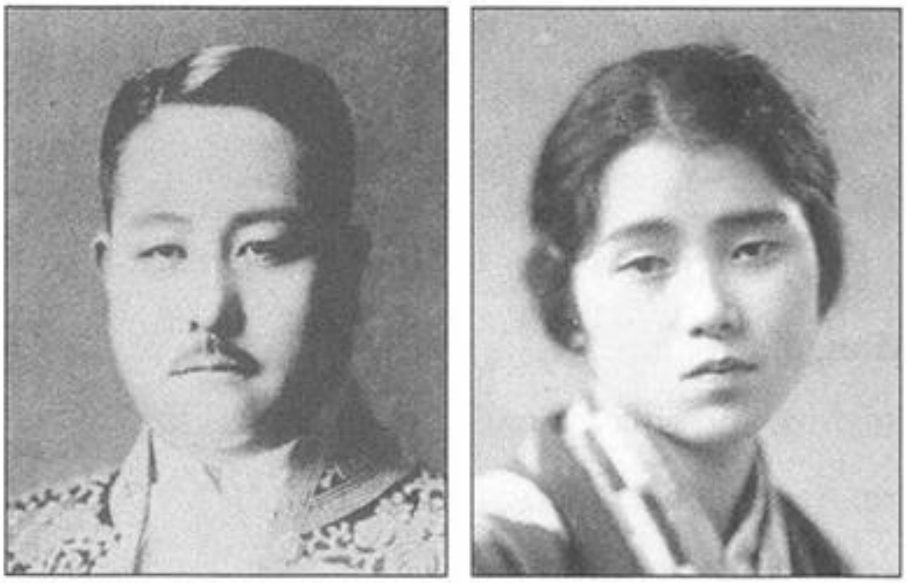
Barva očí: Tmavě hnědá až černá. Tvar očí spíše kulatý nebo oválný.

Cefalický index: 79–81; mesocefalický, s tendencí k brachycefalickému.

Nos: Mesorrhin, tendence k platyrrhinu.

Průměrná úroveň IQ: 105

Lokalita: Japonsko (jih), části Koreje, východní pobřeží Číny. Severní Japonsko je domovem skupiny známé jako Ainu, která má spíše evropské rysy a výrazně více ochlupení na těle i obličeji.



*Yayoi muž a Yayoi žena.*

## 5.4 Dálný sever Asie

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrná výška 1,51 metru.

Barva pleti: Světle hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 78–80; brachycefalický.

Nos: Mesorrhin, s tendencí k platyrrhinu.

Průměrná úroveň IQ: 91

Lokalita: Polární kruh od severní Skandinávie po Sibiř a Dálný východ Ruska.

*Sibiřský arktický pár.*

## 6. Australoidní

### 6.1 Negrito

Struktura a barva vlasů: Velmi kudrnaté, s tendencí k kadeřavosti. Černé.

Postava: Průměrně 1,49 metru. Barva kůže: Černá.

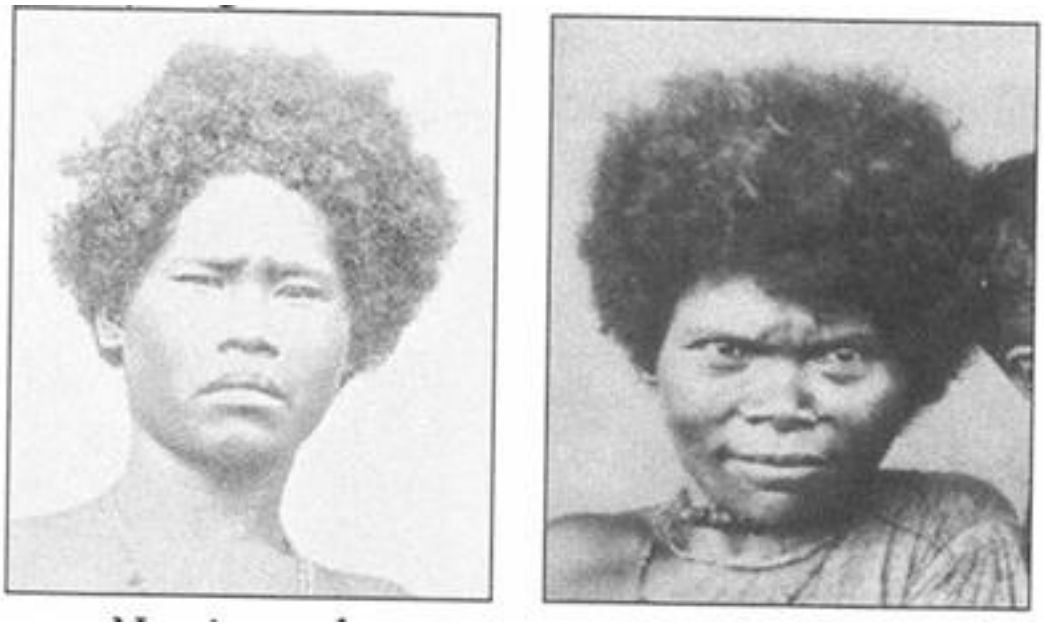
Barva očí: Černá.

Cefalický index: 73–75; dolichocefalický, s tendencí k brachycefalickému typu.

Nos: Platyrrhin.

Průměrná úroveň IQ: 68

Lokalita: Ostrovní oblasti jihovýchodní Asie, Malajský poloostrov, Filipíny, Nová Guinea, Melanésie, od Admiralitních ostrovů po Novou Kaledonii; Fidži a východní Sumatra. Zdá se, že je spřízněn s raným negroidním prvkem.



*Negrito muž a Negrito žena.*

## 6.2 Aboriginci

Struktura a barva vlasů: Kudrnaté, někdy vlnité nebo dokonce rovné. Hnědé nebo černé.

Postava: Průměrně 1,66 metru.

Barva pleti: Hnědá až tmavě hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 75; dolichocefalický. Prognatický, výrazné obočí.

Nos: Platyrrhin.

Průměrná úroveň IQ: 62

Lokalita: Austrálie a okolní ostrovy.

*Aboriginský muž, aboriginská žena a dítě.*

## 6.3 Bornejci

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrně 1,65 metru.

Barva pleti: Hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 82–84; brachycefalický.

Nos: Mesorrhin, s tendencí k platyrrhinu.

Průměrná úroveň IQ: 83

Lokalita: Borneo a další ostrovy v regionu. Úzce příbuzní s novozélandskými Maory.

*Bornejská žena a muž.*

## 6.4 Maorové

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: Průměrně 1,7 metru (66 palců).

Barva pleti: Světle hnědá až tmavě hnědá.

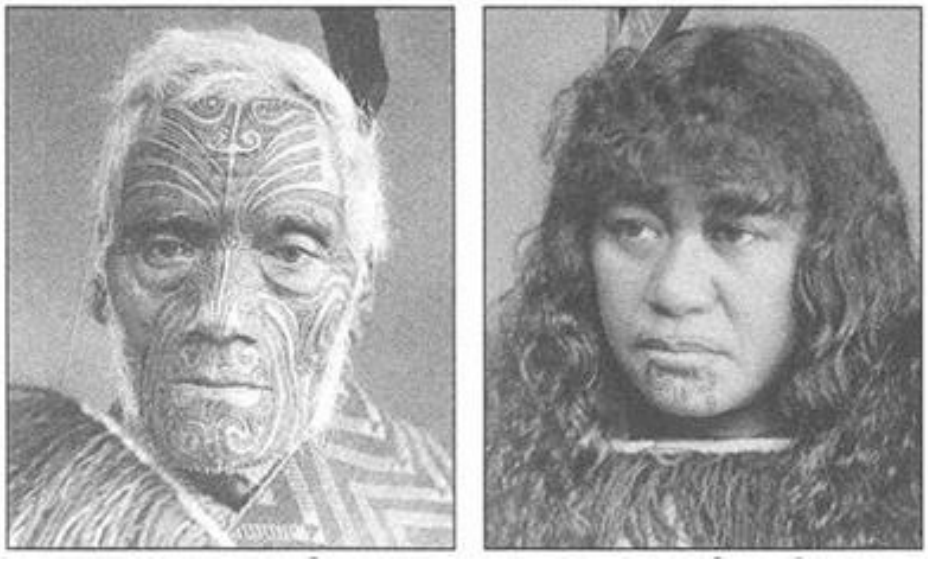
Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 73–75; dolichocefalický.

Nos: Mesorrhin.

Průměrná úroveň IQ: 90

Umístění: Nový Zéland. Geneticky pocházejí Maorové z východní Asie, ale během své dávné cesty na jih se silně smísili s jinými obyvateli jihovýchodní Asie.



*Maorský muž a Maorská žena.*

## 6.5 Polynésané

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: V průměru 1,72 metru.

Barva pleti: Světle hnědá.

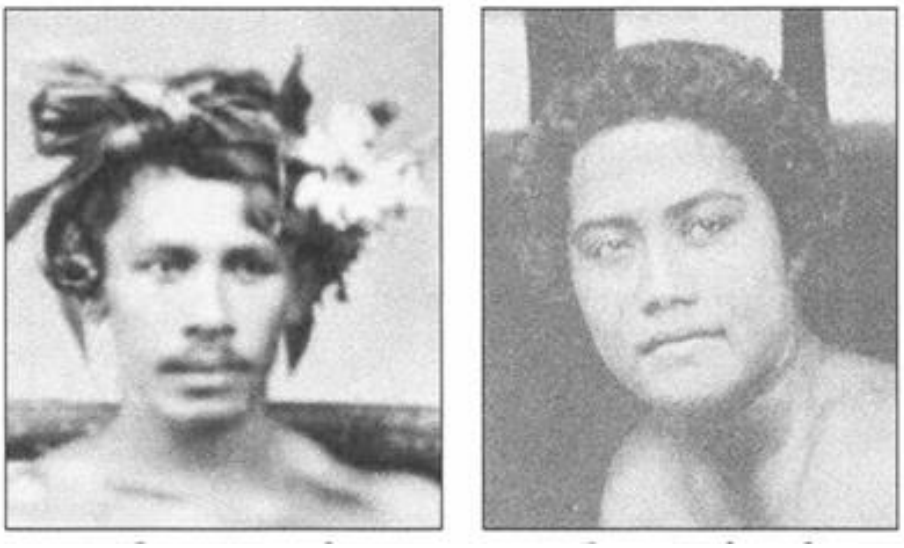
Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 79–81; mesocefalický, s tendencí k brachycefalickému.

Nos: Mesorrhin.

Průměrná úroveň IQ: 90

Lokalita: Ostrovy v jižním Pacifiku.



*Polynéský muž a Polynéská žena.*

## 7. Amerindové

### 7.1 Amerindové dalekého severu (Inuité, neboli „Eskymáci“)

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Barva kůže: Žlutohnědá.

Barva očí: Černá. Oční víčka občas s epikantickou rýhou.

Výška: 1,58 metru.

Cefalický index: 72. Dolichocefalická hlava s plochým obličejem.

Nos: Platyrrhin.

Průměrná úroveň IQ: 91

Lokalita: Severní Amerika, Grónsko a nejvzdálenější severovýchod Asie. Úzce příbuzný s „dalekým Severoasijským“ typem.

*Amerind dalekého severu, muž z kmene Inuitů a Amerindka dalekého severu z kmene Inuitů.*

### 7.2 Severní Amerindové

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Postava: V průměru 1,70 metru.

Barva pleti: Světle hnědá.

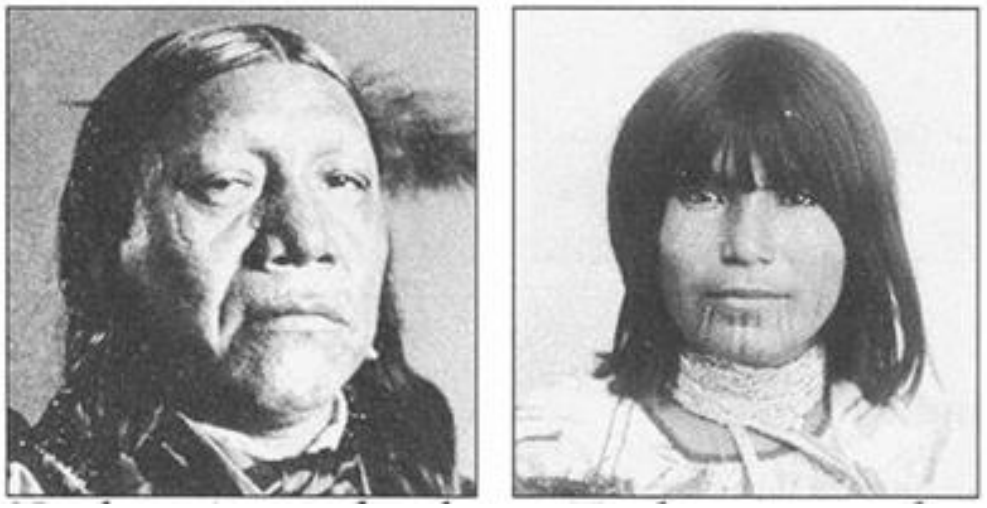
Barva očí: Tmavě hnědá.

Cefalický index: 73–78; dolichocefalický až mesocefalický.

Nos: Leptorrhin, rovný nebo orlí nos. Velký oválný obličej.

Průměrná úroveň IQ: 85

Lokalita: Roviny a severní a východní lesnaté oblasti.



*Severní Amerind, indián kmene Pawnee a indián kmene Apačů Severních Amerindů.*

### 7.3 Středoameričtí indiáni

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Barva pleti: Světle hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá.

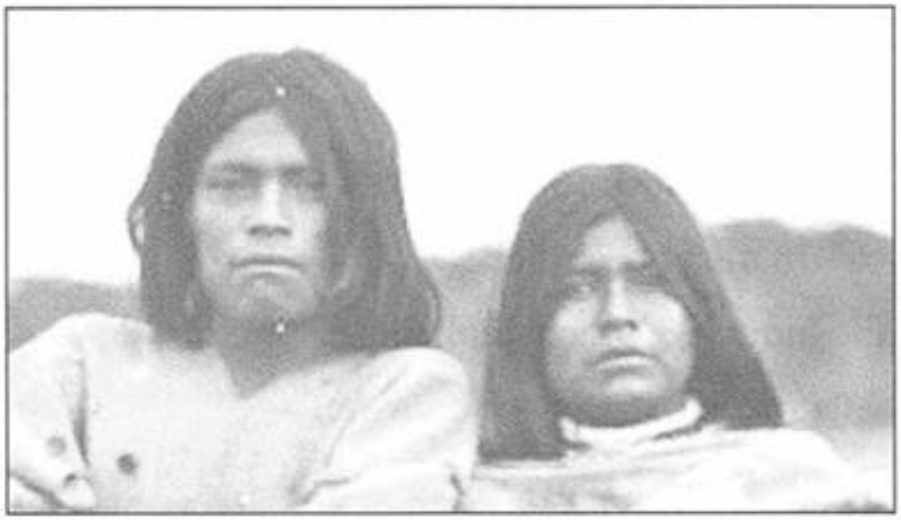
Postava: V průměru 1,67 metru.

Cefalický index: 80–89; brachycefalický.

Nos: Mesorrhin, rovný nebo konkávní, zřídka orlí.

Průměrná úroveň IQ: 83

Lokalita: Střední Amerika, Jižní Amerika.



*Pár z kmene Středoamerických indiánů, Mexiko.*

## 7.4 Jižní Amerindové

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Barva pleti: Hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá až černá.

Výška: 1,56 metru.

Cefalický index: 80–89; brachycefalický.

Nos: Mesorrhin, rovný nebo konkávní, zřídka orlí.

Průměrná úroveň IQ: 78

Lokalita: Střední Amerika, Jižní Amerika.

*Jižní Amerind (Amazonie) a Jižní Ameridnská žena (Amazonie).*

## 7.5 Amerindové z dalekého jihu

Struktura a barva vlasů: Rovné. Černé.

Barva pleti: Hnědá.

Barva očí: Tmavě hnědá.

Výška: 1,78 metru.

Cefalický index: 85; brachycefalický.

Nos: Mesorrhin, rovný nebo konkávní.

Průměrná úroveň IQ: 78

Lokalita: Patagonie, Argentina.

*Amerindský muž dalekého jihu a Amerindská žena dalekého jihu.*

## Pět běžných mýtů o rase vyvrácených

Jak si čtenář, který vytrval až do této kapitoly, jistě již uvědomil, genetické důkazy jednoznačně prokazují existenci různých ras a skutečnost, že rasa má biologický základ.

Tento závěr je rovněž v přímém rozporu s názorem, že rasa neexistuje a je pouze „sociálním konstruktem“. Je proto užitečné zabývat se několika nejrozšířenějšími mýty o rase, které tvoří jádro popírání existence ras.

### 1. „Všichni lidé jsou z 99 procent geneticky stejní, takže neexistují žádné genetické rozdíly.“

Tvrzení, že všichni lidé jsou „z 99 procent geneticky stejní“, ačkoli se neustále opakuje, bylo vysloveno v roce 1972 – více než 30 let předtím, než se začaly provádět pokročilé genetické studie a analýzy DNA. Už jen tato skutečnost by měla vyvrátit jakoukoli relevanci tohoto tvrzení, vzhledem k obrovskému pokroku, kterého věda za více než 50 let dosáhla.

Toto tvrzení vyslovil americký biolog Richard Lewontin (1929–2021) ve své práci z roku 1972 s názvem „The Apportionment of Human Diversity“.

S využitím tehdy ještě primitivních analytických technik a opíraje se o vzorky krevních bílkovin Lewontin prohlásil, že počet rozdílů nemá „prakticky žádný genetický ani taxonomický význam“ a že neexistuje žádné ospravedlnění pro zachování rasových klasifikací.

Toto tvrzení, jak bylo nyní definitivně prokázáno, je nepravdivé a tato skutečnost je ve vědecké komunitě všeobecně známa – ačkoli je stále do omrzení opakována masmédii a neinformovanými komentátory.

Jak je ostatně uvedeno v první kapitole této knihy, sekvenování DNA bylo objeveno teprve pět let poté, co Lewontin vyslovil své dodnes často opakované tvrzení, že mezi rasami neexistují žádné genetické rozdíly. V roce 2003 vyšla v časopise Bioessays studie[152], která Lewontinovo tvrzení důkladně a vědecky vyvrátila.

Tento článek – a další podobné – byl znovu publikován v mnoha dalších renomovaných časopisech, včetně časopisu Národní lékařské knihovny vlády USA (která spadá pod Národní instituty zdraví, neboli NIH, součást Ministerstva zdravotnictví a sociálních služeb vlády USA).

V tomto článku s názvem „Lidská genetická rozmanitost: Lewontinův omyl“ autor – vědec z Cambridge University ve Velké Británii – odhalil Lewontinův závěr z roku 1972 jako „neopodstatněný, protože argument ignoruje skutečnost, že většina informací, které odlišují populace, je skryta v korelační struktuře dat a ne pouze ve variaci jednotlivých faktorů.“

Lewontinův argument spočíval v předpokladu, že rasu lze určit pouhým pohledem na jeden jediný znak.

Teoretický příklad to vysvětluje lépe: Pokud má například 60 procent „Afričanů“ oříškové oči a 60 procent „Evropanů“ má oříškové oči, pak by jakýkoli pokus o předpověď rasy pouze na základě barvy očí mohl být nesprávný, protože předpověď by byla špatná v 40 procentech případů. Lewontin proto dospěl k závěru, že rasa „neexistuje“.

[152] „Human genetic diversity Lewontin’s fallacy“, Edwards, A. E., Bioessays, srpen 2003; 25(8):798–801.

Slabina tohoto „argumentu“ je zřejmá na první pohled. Jak již bylo podrobně popsáno dříve v této knize (a v širším smyslu i ve všech vědeckých

prácích o genetice z posledních tří desetiletí), rasa je určována stovkami různých znaků a genů, z nichž všechny společně přispívají k vytvoření rasových kategorií.

Jinými slovy: Lewontinův „argument“ by mohl – a důraz je zde na slově „mohl“ – platit, pokud by se bral v úvahu jediný genotypový lokus. Pokud se však vezme v úvahu několik set či tisíc lokusů, seskupení podle rasových linií se stává jasným a vědecky nevyvratitelným.

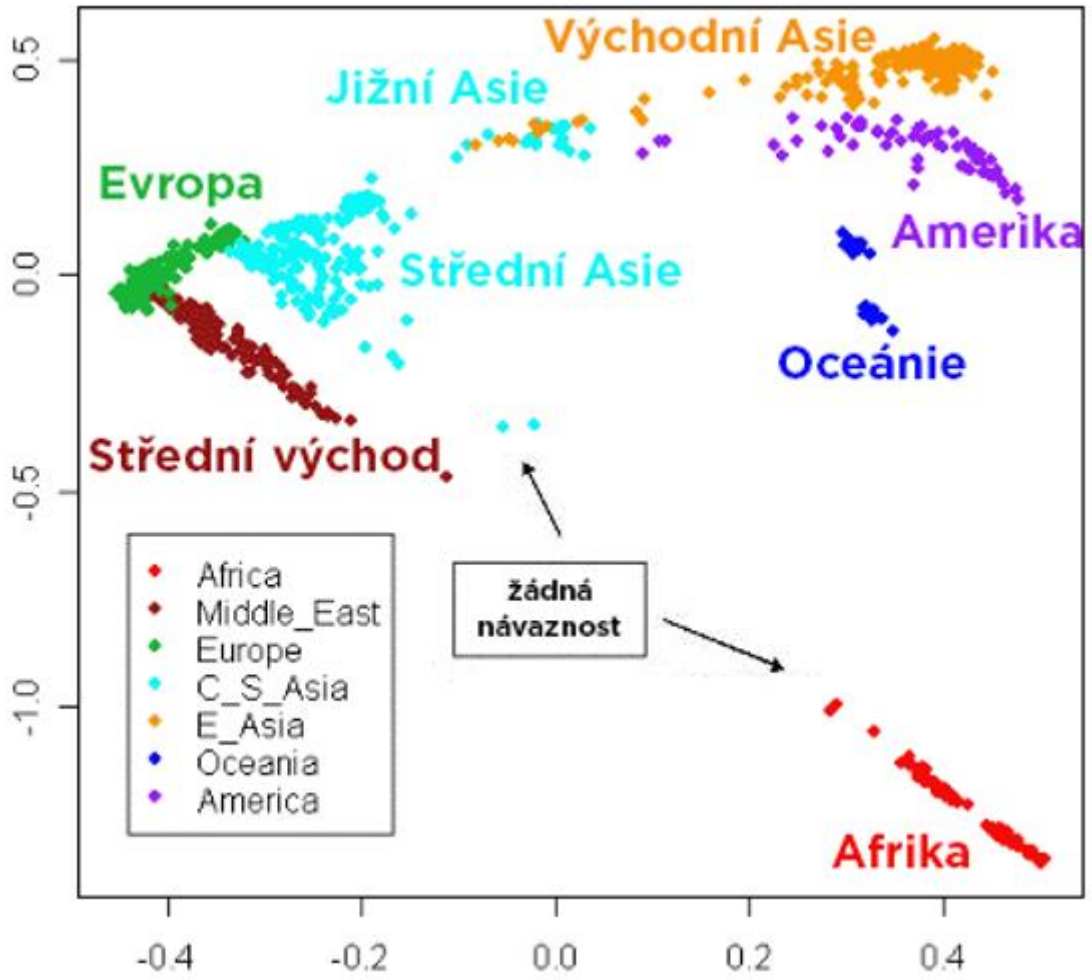
Není to míra genetické podobnosti, která „vyvrací“ existenci rasy, ale spíše míra odlišnosti, která dokazuje, že rasa má význam.

**2. „Rasa nemá žádný biologický základ.“**

Jednoduchá odpověď zní, že existence (a přesnost) komerčně dostupných domácích sad pro testování DNA definitivně prokázala, že rasa má biologický základ. Tyto domácí sady pro testování DNA by nefungovaly, kdyby jejich vědecká metodika neměla biologický základ.

Sady pro testování DNA přesně předpovídají genetický původ jedince čistě na základě vzorku slin pomocí procesu známého jako „analýza hlavních komponent“ (PCA). Společnosti provádějící testování DNA poté porovnávají analyzované výsledky tohoto vzorku se svými rozsáhlými databázemi a na základě pozorování vzorců seskupování genetických komponent přesně předpovídají rasový původ jedince. Tento proces dobře ilustruje tabulka (níže) z článku

publikovaného v časopise Science, který zmapoval vzorce variace v celém genomu získané z vzorků DNA:[153]




## 3. „Rasa je sociální konstrukt.“

Jedná se o stále častěji používané tvrzení, které tvrdí, že pojem rasy byl vymyšlen pouze skupinou bílých západních

[153] „Worldwide Human Relationships Inferred from Genome-Wide Patterns of Variation“, Jun. Z. a kol., Science, 22. února 2008, sv. 319, č. 5866, str. 1100–1104.

kapitalistů za účelem vykořisťování jiných lidí tím, že je uměle rozdělili do soupeřících skupin.

Opět platí, že jednoduchá odpověď zní: genetická věda jednoznačně prokázala, že rasové skupiny se dokonale shodují s genetickými profily, a že tato vědecká skutečnost nemá nic společného s imaginárním spiknutím bílých kapitalistů.

Kromě toho, že je tato skutečnost zřejmá díky existenci a přesnosti komerčně dostupných domácích testovacích sad na DNA, přiznala ji také samotná Stanfordská lékařská fakulta, která v roce 2005 uvedla, že „rasové skupiny odpovídají genetickým profilům“.[154]

Zpráva uváděla, že „zaškrtnutí políčka vedle rasové/etnické kategorie... také vypovídá o genetickém pozadí dané osoby“.[155]

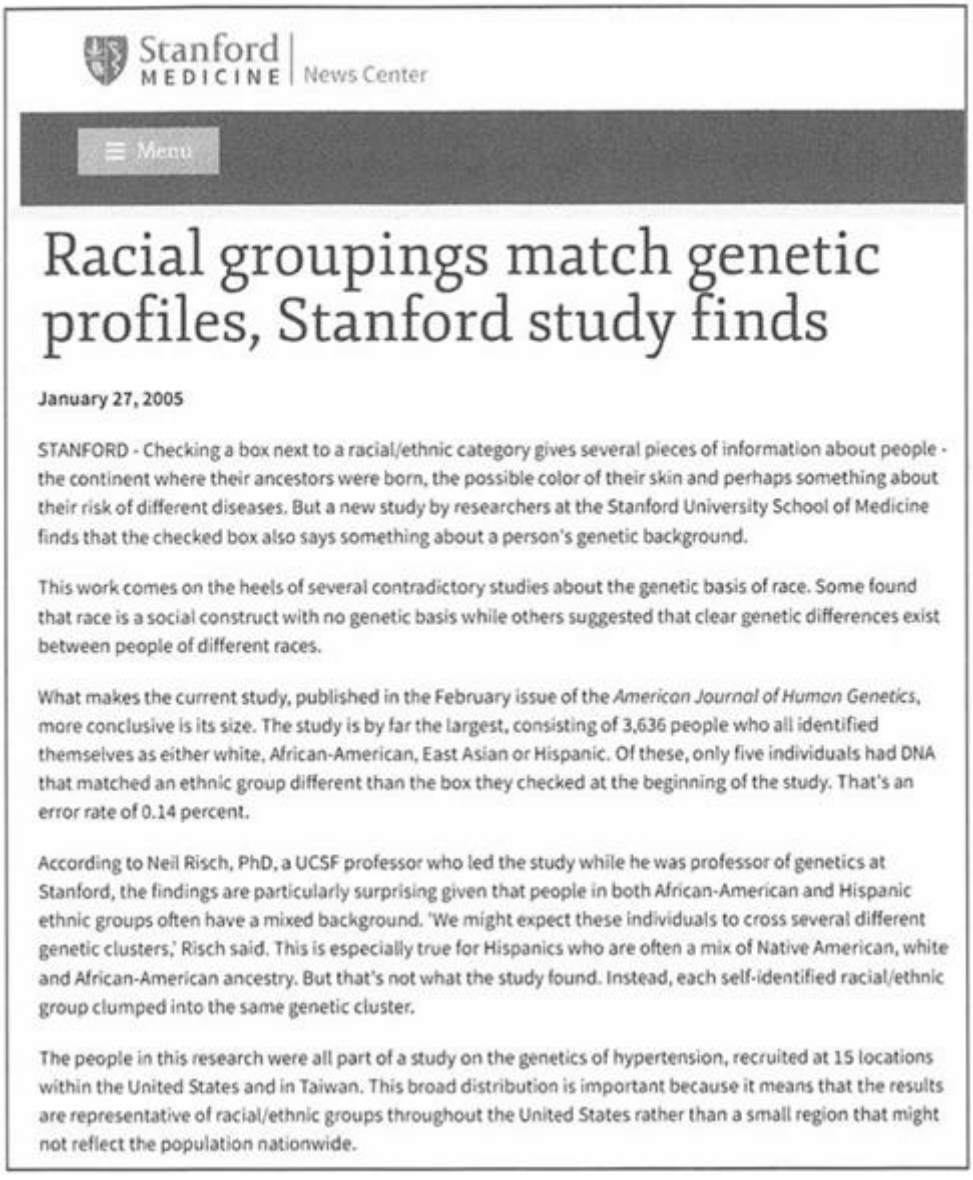
Podle zprávy, která cituje studii zveřejněnou v únorovém čísle časopisu American Journal of Human Genetics z roku 2005[156], byly analyzovány odpovědi 3 636 osob, které se všechny identifikovaly jako běloši, Afroameričané, Východoasijci nebo Hispánci. Z nich mělo pouze pět osob DNA, která odpovídala jiné etnické skupině, než jakou zaškrtli na začátku studie. „To představuje chybovost 0,14 procenta,“ uvádí zpráva ze Stanfordu.

„Podle Neila Rische, PhD, profesora UCSF, který studii vedl v době, kdy působil jako profesor genetiky na Stanfordu,

---

[154] „Racial groupings match genetic profiles, Stanford study finds,“ Stanford Medicine News Center, 27. ledna 2005.
[155] Tamtéž.
[156] „Genetic Structure, Self-Identified Race/Ethnicity, and Confounding in Case-Control Association Studies“, Tang, H. a kol., American Journal of Human Genetics, 76.2 (2205), 268–275.

jsou tyto výsledky obzvláště překvapivé vzhledem k tomu, že lidé v afroamerické i hispánské etnické skupině mají často smíšený původ.“



Stanford MEDICINE | News Center

Menu

# Racial groupings match genetic profiles, Stanford study finds

**January 27, 2005**

STANFORD - Checking a box next to a racial/ethnic category gives several pieces of information about people - the continent where their ancestors were born, the possible color of their skin and perhaps something about their risk of different diseases. But a new study by researchers at the Stanford University School of Medicine finds that the checked box also says something about a person's genetic background.

This work comes on the heels of several contradictory studies about the genetic basis of race. Some found that race is a social construct with no genetic basis while others suggested that clear genetic differences exist between people of different races.

What makes the current study, published in the February issue of the *American Journal of Human Genetics*, more conclusive is its size. The study is by far the largest, consisting of 3,636 people who all identified themselves as either white, African-American, East Asian or Hispanic. Of these, only five individuals had DNA that matched an ethnic group different than the box they checked at the beginning of the study. That's an error rate of 0.14 percent.

According to Neil Risch, PhD, a UCSF professor who led the study while he was professor of genetics at Stanford, the findings are particularly surprising given that people in both African-American and Hispanic ethnic groups often have a mixed background. 'We might expect these individuals to cross several different genetic clusters,' Risch said. This is especially true for Hispanics who are often a mix of Native American, white and African-American ancestry. But that's not what the study found. Instead, each self-identified racial/ethnic group clumped into the same genetic cluster.

The people in this research were all part of a study on the genetics of hypertension, recruited at 15 locations within the United States and in Taiwan. This broad distribution is important because it means that the results are representative of racial/ethnic groups throughout the United States rather than a small region that might not reflect the population nationwide.

„,Mohli bychom očekávat, že tito jedinci budou patřit do několika různých genetických skupin,‘ řekl Risch. ‚To platí zejména pro Hispánce, kteří jsou často směsicí indiánského, bělošského a afroamerického původu. Studie však nic takového

nezjistila. Namísto toho se každá skupina, která se sama identifikovala jako určitá rasová či etnická skupina, shlukla do stejné genetické skupiny.“[157] „‚To ukazuje, že rasa či etnická příslušnost, ke které se lidé sami hlásí, je téměř dokonalým ukazatelem jejich genetického pozadí,‘ uvedl Risch.“

„Kromě toho, když výzkumný tým analyzoval každou ze čtyř skupin, zjistil dvě odlišné podskupiny v rámci východoasijské genetické skupiny – a tyto dvě skupiny korelovaly s lidmi, kteří se identifikovali jako Číňané a Japonci.“

„Žádnou z ostatních genetických skupin nebylo možné rozdělit na menší podskupiny. To naznačuje, že neexistují dostatečné genetické rozdíly k rozlišení například mezi lidmi, kteří mají předky ze severní Evropy, a těmi, kteří mají předky z jižní Evropy.“[158]

Jinými slovy, testy DNA jednoznačně prokázaly, že genetické rozdíly mezi rasami jsou mnohem větší než rozdíly uvnitř jednotlivých ras, což zase vyvrací mýtus o „sociálním konstruktu“.

## 4. „Rasa je jen otázka barvy pleti.“

Odpověď na tento často slýchaný nesmysl je tak zřejmá, že je opět neuvěřitelné, že to někdo vůbec říká, natož aby tomu věřil.

Kdyby rasa byla pouze otázkou „barvy pleti“, pak by ten, kdo něco takového říká, musel být slepý, aby ignoroval mnoho dalších fyzických charakteristik, které rasy definují.

---

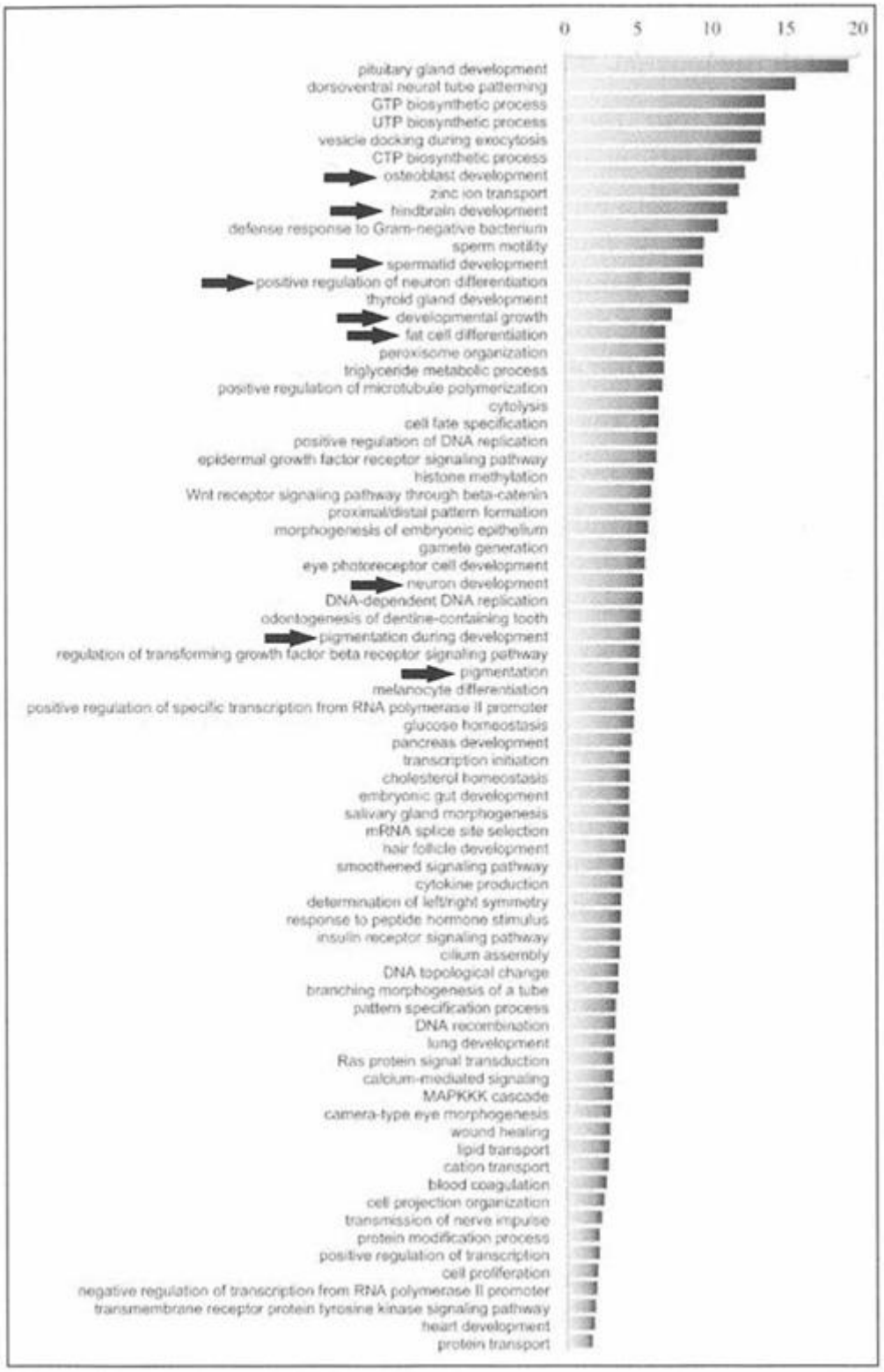
[157] Tamtéž.
[158] Tamtéž.

Například nikdo, kdo se podívá na Číňana, neřekne, že je to „Afričan“, ani neřekne, že Afričan je „Číňan“. Přesto ti samí lidé tvrdí, že rasa je „pouze otázkou barvy pleti“.

Další stránka: Graf z článku BMC Evolutionary Biology z roku 2011, který podrobně popisuje účinky SNP na lidské biologické procesy u různých ras.

V tomto grafu jsou zvýrazněny některé důležité procesy – všechny řízené jednotlivými geny.

Zvýrazněné geny řídí pigmentaci, vývoj neuronů (v mozku), diferenciaci tukových buněk, pozitivní regulaci diferenciace neuronů, vývoj zadního mozku a vývoj osteoblastů.




*Zdroj: „Different Level of Population Development among Human Genes“, Wu, D.D. a kol., BMC Evolutionary Biology, 11 (2011):16.*

Genetické rozdíly mezi rasami byly v této knize nastíněny, avšak v této souvislosti je vhodné uvést ještě jednu studii, která byla v roce 2001 publikována v časopise BMC Evolutionary Biology.[159]

Tato studie zaměřená na „míru populační diferenciace mezi různými populacemi lidských genů“[160] s ohledem na různé biologické procesy zjistila, že „geny podílející se na vývoji osteoblastů [buněk s jedním jádrem, které syntetizují kostní tkáň] vykazovaly vyšší zastoupení SNP s vyšší hodnotou FST, což je výsledek v souladu s navrhovanou rolí kosterního systému při vysvětlování variace mezi lidskými populacemi.“[161]

Jinými slovy, vědci zjistili, že odlišné genetické struktury na úrovni SNP vedly k odlišným kostním strukturám.

Studie navíc zjistila, že „geny podílející se na vývoji vlasových folikulů, kde se vytváří vlasy, vykazovaly rovněž vyšší úroveň populační diferenciace, což je v souladu s tím, že morfologie vlasů je charakteristickým rysem mezi lidskými populacemi.“[162]

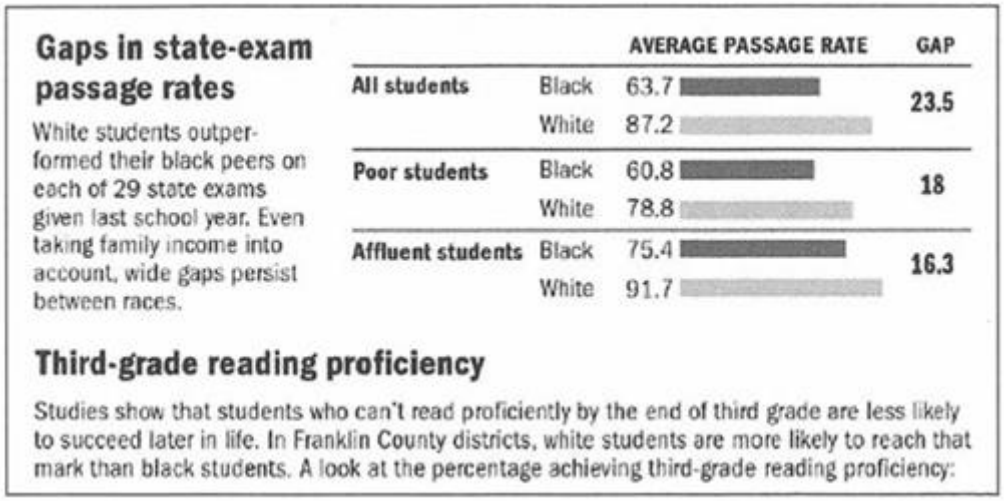
„Mezi další geny, u nichž byla zaznamenána vyšší míra populační diferenciace, patří geny podílející se na pigmentaci, vývoji spermatid, nervového systému a orgánů a na některých metabolických drahách, avšak jen málo z nich se týká

[159] „Different Level of Population Development among Human Genes“, Wu, D.D. a kol., BMC Evolutionary Biology, 11 (2011):16.
[160] Tamtéž.
[161] Tamtéž.
[162] Tamtéž.

imunitního systému.“[163] Rasa je tedy biologický stav, který zjevně sahá mnohem hlouběji než „pouze barva pleti“.

## 5. „Rasové rozdíly v inteligenci lze vysvětlit socioekonomickými faktory.“

Skutečností je, že řada studií opakovaně dokazuje, že i po zohlednění příjmů, způsobu výchovy a všech dalších sociálních faktorů přetrvává rozdíl ve školních výsledcích mezi Afričany a všemi ostatními rasami.



**Gaps in state-exam passage rates**

White students outperformed their black peers on each of 29 state exams given last school year. Even taking family income into account, wide gaps persist between races.

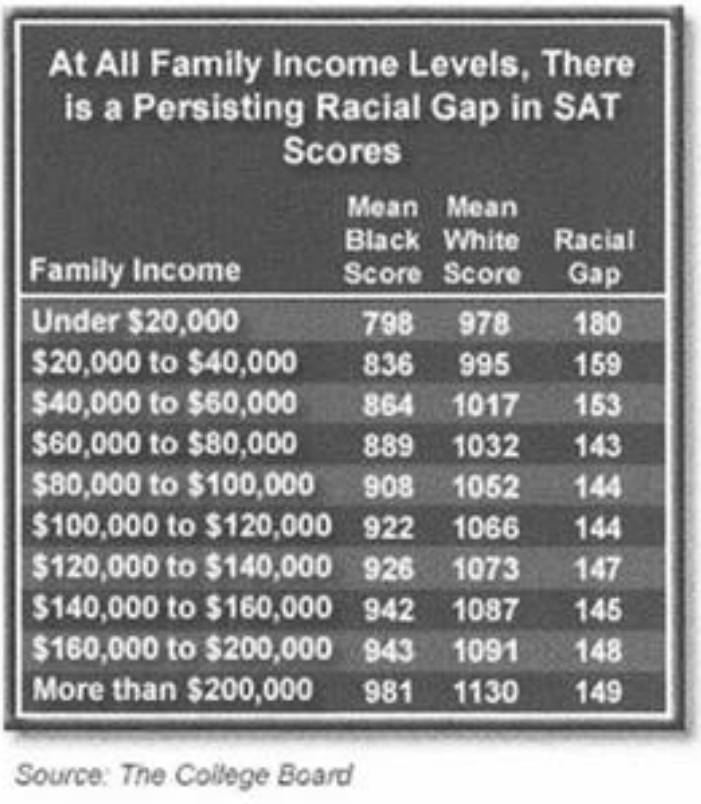
| | | AVERAGE PASSAGE RATE | GAP |
|---|---|---|---|
| All students | Black | 63.7 | 23.5 |
| | White | 87.2 | |
| Poor students | Black | 60.8 | 18 |
| | White | 78.8 | |
| Affluent students | Black | 75.4 | 16.3 |
| | White | 91.7 | |

**Third-grade reading proficiency**

Studies show that students who can't read proficiently by the end of third grade are less likely to succeed later in life. In Franklin County districts, white students are more likely to reach that mark than black students. A look at the percentage achieving third-grade reading proficiency:

*„Ve výsledcích vzdělávacích testů přetrvávají značné rozdíly mezi rasami“ (Wide racial gap persists in education testing), The Columbus Dispatch, 22. září 2013.*

[163] Tamtéž.

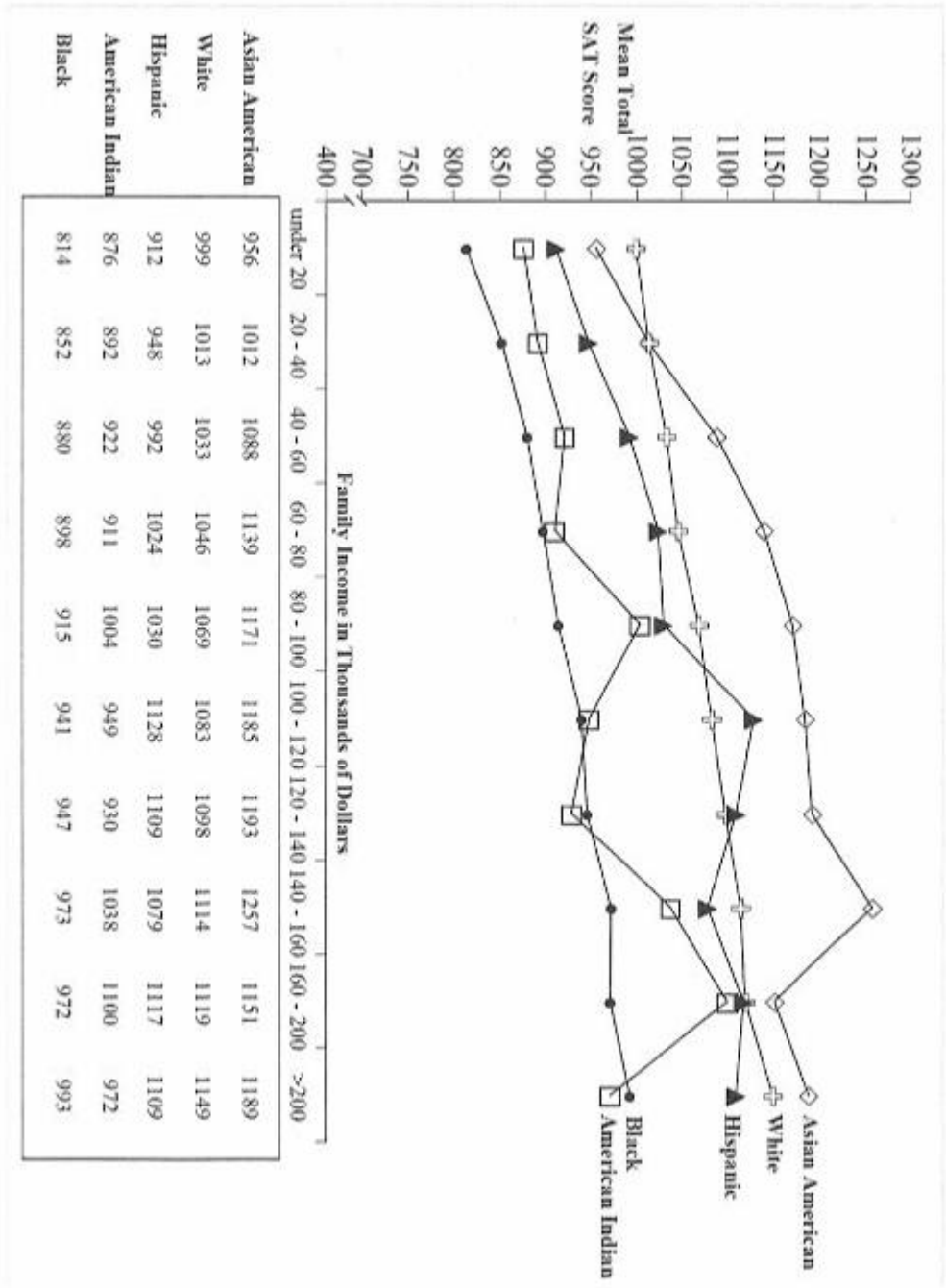


**At All Family Income Levels, There is a Persisting Racial Gap in SAT Scores**

| Family Income | Mean Black Score | Mean White Score | Racial Gap |
|---|---|---|---|
| Under $20,000 | 798 | 978 | 180 |
| $20,000 to $40,000 | 836 | 995 | 159 |
| $40,000 to $60,000 | 864 | 1017 | 153 |
| $60,000 to $80,000 | 889 | 1032 | 143 |
| $80,000 to $100,000 | 908 | 1052 | 144 |
| $100,000 to $120,000 | 922 | 1066 | 144 |
| $120,000 to $140,000 | 926 | 1073 | 147 |
| $140,000 to $160,000 | 942 | 1087 | 145 |
| $160,000 to $200,000 | 943 | 1091 | 148 |
| More than $200,000 | 981 | 1130 | 149 |

Source: The College Board

*Vpravo: „Rozdíly v příjmech rodin vysvětlují jen malou část rozdílů ve výsledcích SAT mezi jednotlivými rasami“ (Family Income Differences Explain Only a Small Part of the SAT Racial Scoring Gap), The Journal of Blacks in Higher Education, 22. ledna 2009.*




| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **Asian American** | 956 | 1012 | 1088 | 1139 | 1171 | 1185 | 1193 | 1257 | 1151 | 1189 |
| **White** | 999 | 1013 | 1033 | 1046 | 1069 | 1083 | 1098 | 1114 | 1119 | 1149 |
| **Hispanic** | 912 | 948 | 992 | 1024 | 1030 | 1128 | 1109 | 1079 | 1117 | 1109 |
| **American Indian** | 876 | 892 | 922 | 911 | 1004 | 949 | 930 | 1038 | 1100 | 972 |
| **Black** | 814 | 852 | 880 | 898 | 915 | 941 | 947 | 973 | 972 | 993 |

*Tabulka 12: Průměrné celkové skóre v testu SAT (kritické čtení + matematika) v Severní Karolíně podle příjmu rodiny a rasové/etnické skupiny, 2009–2010. Veřejné školy v Severní Karolíně, „The North Carolina 2010 SAT Report“.*

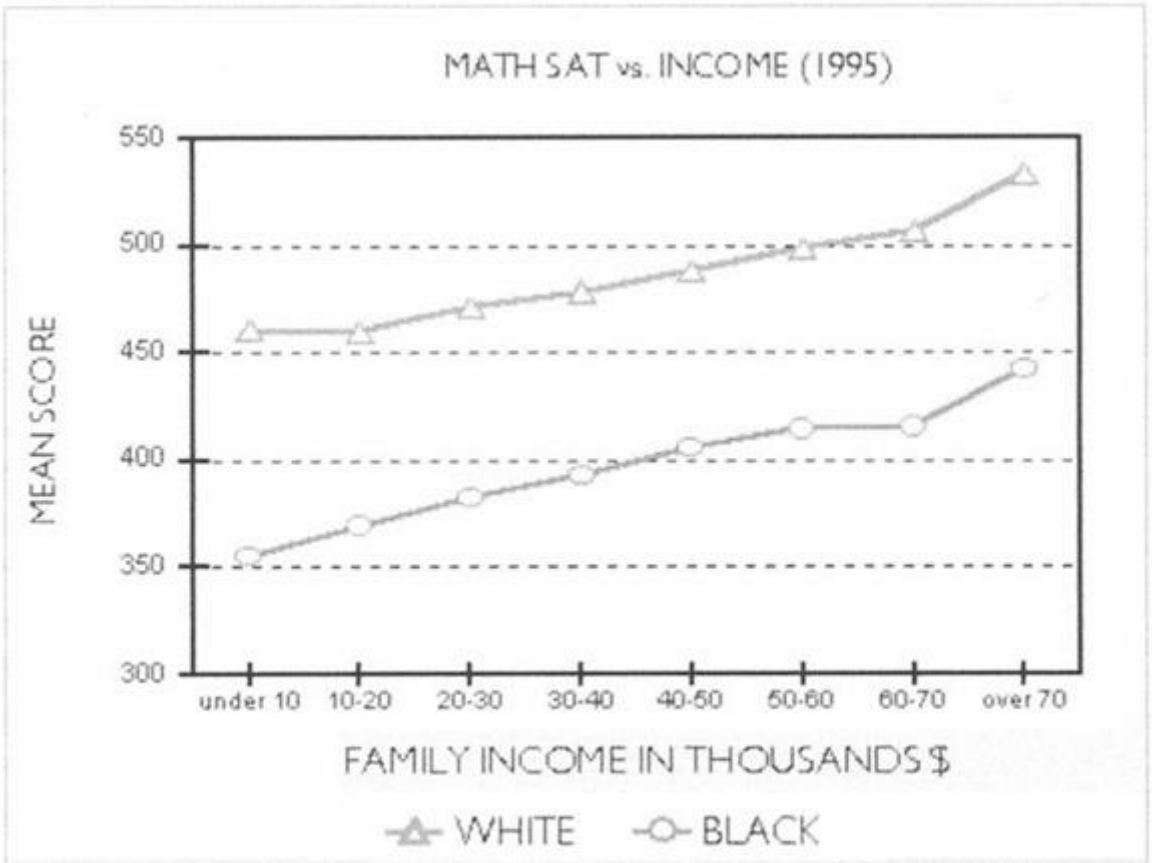



**Figure 3.** Math SAT scores go up with family income for both blacks and whites, but the poorest whites score higher than the wealthiest blacks.

*„Standardizované testy: interpretace rozdílů mezi rasami a etniky“ (Standardized Tests: The Interpretation of Racial and Ethnic Gaps), La Griffe du Lion, ročník 2, číslo 3, březen 2000.*

**Table 2. Mean SAT Mathematics and Verbal Scores by Family Income for the 2003 College Bound Cohort**

| | Black Test-takers | | White Test-takers | | Total Sample | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | Math | Verbal | Math | Verbal | Math | Verbal |
| Family Income | Score | Score | Score | Score | Score | Score |
| Less than $10,000 | 382 | 381 | 478 | 480 | 418 | 418 |
| $10,000 to $15,000 | 395 | 398 | 478 | 481 | 435 | 439 |
| $15,000 to $20,000 | 400 | 405 | 485 | 488 | 446 | 450 |
| $20,000 to $25,000 | 409 | 413 | 493 | 495 | 460 | 463 |
| $25,000 to $30,000 | 411 | 419 | 495 | 497 | 466 | 470 |
| $30,000 to $35,000 | 419 | 426 | 502 | 504 | 479 | 482 |
| $35,000 to $40,000 | 422 | 430 | 504 | 505 | 484 | 487 |
| $40,000 to $50,000 | 431 | 438 | 510 | 510 | 496 | 498 |
| $50,000 to $60,000 | 441 | 450 | 516 | 514 | 507 | 506 |
| $60,000 to $70,000 | 440 | 450 | 521 | 519 | 512 | 512 |
| $70,000 to $80,000 | 448 | 457 | 528 | 524 | 521 | 518 |
| $80,000 to $100,000 | 461 | 468 | 539 | 534 | 533 | 529 |
| More than $100,000 | 490 | 495 | 568 | 557 | 564 | 555 |
| No Response | | | | | | |

*Tabulka 2. Průměrné výsledky v matematice a verbální části testu SAT podle příjmu rodiny u kohorty studentů směřujících na vysokou školu z roku 2003: z článku „Race, Poverty and SAT Scores: Modeling the Influence of Family Income on Black and White High School Students' SAP Performance", Dixon-Roman, Ezekiel a kol., Teachers College Record, ročník 115, číslo 4, 103, 1–33.*

# Doslov

Není pochyb o tom, že pokud budou mít vědci volnost a nezávislost, odhalí v průběhu času ještě více tajemství ukrytých v lidském genomu a následně přinesou ještě více genetických důkazů o rasové rozmanitosti.

Z předchozích kapitol je zřejmé, že věda o DNA poskytla nezvratný důkaz o tom, že rasa má pevné biologické kořeny a že rasové znaky jsou dědičné vlastnosti.

Popírání této reality je jedním z nejdůležitějších sociologických jevů moderní doby. Popírání rasy, zakořeněné v intelektuálně neplodné a fakticky prázdné divočině, existuje díky nekonečnému opakování v mainstreamových médiích, pomlouvání těch, kteří se odváží promluvit, a cenzurování všech faktů.

Každá společnost, která ve svém sociálním uspořádání nebere v úvahu biologii, za to zaplatí cenu. Nic není větší než zákony přírody a biologická fakta, a jakýkoli pokus o pohrdání těmito realitami skončí katastrofou.

Kéž všichni lidé dobré vůle a porozumění přijmou tuto realitu a budou podle ní jednat.